



①9 BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES  
PATENT- UND  
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**  
⑩ **DE 198 18 620 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 18 620.7  
㉔ Anmeldetag: 21. 4. 98  
㉕ Offenlegungstag: 28. 10. 99

㉙ Int. Cl.<sup>6</sup>:  
**C 07 K 16/00**  
C 07 K 14/435  
A 61 K 38/17  
C 07 H 21/04  
C 12 N 15/11  
C 12 N 15/63  
C 12 N 1/21  
C 12 N 1/19  
C 12 N 5/10  
// (C12N 1/21, C12R  
1:19)G01N 33/68,  
33/15

DE 198 18 620 A 1

㉚ Anmelder:  
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,  
14195 Berlin, DE

㉛ Vertreter:  
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505  
Berlin

㉜ Erfinder:  
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;  
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,  
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,  
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532  
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,  
DE

**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

㉞ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal

㉞ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -  
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenor-  
malgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon ko-  
dieren, und deren Verwendung beschrieben.  
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen  
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

## Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen tumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasen tumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasen normalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, pX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWNeo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128-390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 128-390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128-390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

#### Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

#### Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

**Fig. 1** zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

**Fig. 2a** zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

**Fig. 2b1-2b4** zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

**Fig. 3** zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

**Fig. 4a** zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

**Fig. 4b** zeigt den elektronischen Northern

**Fig. 5** zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

## Beispiel 1

## Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

**Fig. 2b1-2b4** veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (**Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

## 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

## 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 .x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.203 0.0819	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342 0.8817	
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838 2.6058	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0201	0.3396 2.9444	
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0111	0.0226	0.4909 2.0372	
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823 3.5422	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380 1.3551	
Lunge	0.0083	0.0184	0.4516 2.2144	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994 1.0006	
Niere	0.0081	0.0274	0.2974 3.3626	20
Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479 1.3371	
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095 2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482 1.3366	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0157	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0253	
Nebenniere	0.0507	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0182	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0377	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0122	55
Haematopoetisch	0.0171	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0090	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

In analoger Verfahrungsweise wurden auch folgende Northern gefunden:

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0102	7.2459	0.1380
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0153	3.8136	0.2622	5
Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Duenddarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0100	2.0377	0.4907	10
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036	
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0654	0.0362	1.8064	0.5536	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0803				
Samenblase	0.0178				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				

FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0139			35
Gastrointestinal	0.0083			40
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			45
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			50
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0128			60
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0162			
Hoden	0.0000			65
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0333			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herr-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796	
Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0182	0.8223	1.2161	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.2542	0.0144	69.2517	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	
Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517	
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0105	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0259	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0120	60
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0167	
		65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0026	15.2544	0.0656
	Brust	0.0460	0.0056	8.1663	0.1225
	Duendarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0516	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.1087			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0498
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083



## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0194	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0226	0.9811	1.0192	
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088	20
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0185	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0100	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0125	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0435	0.0338	1.2854	0.7779
	Duennndarm	0.0276	0.0165	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0120	0.0182	0.6579	1.5201
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0176	1.6496	0.6062
10	Gastrointestinal	0.0594	0.0231	2.5679	0.3894
	Gehirn	0.0333	0.0657	0.5062	1.9754
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0413	0.0275	1.5034	0.6652
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0384	0.0164	2.3497	0.4256
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0360	0.5235	1.9102
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0779	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0447	1.4136	0.7074
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.1014
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1293
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0338
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0301
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0624

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0468	0.0077	6.1018 0.1639	5
Brust	0.0294	0.0075	3.9130 0.2556	
Duenn darm	0.0184	0.0165	1.1122 0.8991	
Eierstock	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981 0.5889	
Gastrointestinal	0.0192	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599 1.0417	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0808	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0540	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0156	0.0082	1.9051 0.5249	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211 0.3967	
Muskel-Skelett	0.1216	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0274	0.0000 undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.1587	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189 1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834 0.5940	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
Zervix	0.0426			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0249	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0244	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0309	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0090	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0208	

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0233	0.0137	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0634	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0043	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0583

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.1209	0.0383	3.1526	0.3172	5
Brust	0.0333	0.0338	0.9830	1.0173	
Duenn darm	0.0215	0.0662	0.3244	3.0827	
Eierstock	0.0180	0.0234	0.7675	1.3029	
Endokrines Gewebe	0.0460	0.0802	0.5731	1.7448	
Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.1464	0.2382	0.6144	1.6275	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0904	0.2006	0.4507	2.2189	
Herz	0.0307	0.1924	0.1597	6.2617	15
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0177	0.0286	0.6169	1.6210	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0460	0.4202	2.3799	
Muskel-Skelett	0.0891	0.0240	3.7122	0.2694	
Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439	20
Pankreas	0.0248	0.0331	0.7479	1.3371	
Penis	0.0689	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0327	0.0106	3.0709	0.3256	
Uterus Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579	
Uterus Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732	25
Uterus allgemein	0.0866	0.0954	0.9074	1.1021	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				
Samenblase	0.4183				
Sinnesorgane	0.0588				30
Weisse Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0426				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0185	
Placenta	0.0242	45
Prostata	0.1247	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0244	55
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0100	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0125	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duenn darm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0170	0.0577	0.2953	3.3861
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.1294	0.0318	4.0643	0.2460
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0164	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0173			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.1376
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0399
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0442
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781 0.0936	5
Brust	0.0307	0.0038	8.1663 0.1225	
Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707 2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0249	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399 0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482 0.3281	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259	
Prostata	0.0087	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0585	0.0230	2.5424	0.3933
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal 0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn 0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0218	0.0149	1.4623	0.6838
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0543	0.4208	2.3761
	Uterus_allgemein 0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0356			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0052
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0128	3.0509	0.3278	5
Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024	
Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133	
Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	20
Magen-Speiseroehre	0.0870	0.0153	5.6724	0.1763	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272	36.7712	25
Penis	0.0419	0.0800	0.5241	1.9079	
Prostata	0.0392	0.0298	1.3161	0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	30
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0089				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0254	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0099	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0389	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0077	65
Uterus_n	0.0333	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0153	2.7966	0.3576
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duenndarm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0300	0.0390	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0176	2.3288	0.4294
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0200	0.0298	0.6703	1.4919
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0339	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0270	0.0409	0.6604	1.5141
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0240	1.6419	0.6090
20	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0359	0.0533	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0305	0.0255	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0272	1.9640	0.5092
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0470
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	5
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0150	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	
Gehirn	0.0177	0.0031	5.7597	0.1736	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0142	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0125	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0475	0.4810	2.0791	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0130	0.6908	1.4477
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0416



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_r	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0260	40
Herz-Blutgefasse	0.0071	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0064	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0154	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0050	60
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0167	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0307	0.0019	16.3327	0.0612	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	
Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932	
Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368	20
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138	1.0944	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857	25
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901	30
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0124	
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	60
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0077	65
Lunge	0.0410	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0250	

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestin	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0499	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667	
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0070	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0035	60
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0000	65
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0310	
Uterus_n	0.0042	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0089	0.0144	0.6171	1.6205
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
Uterus_allgemein	0.0255	0.1908	0.1334	7.4943
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestenstinal	0.0056			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0118			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaessee	0.0036			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0253			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0116			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0456			
Haut-Muskel	0.0162			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0221			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0081	0.0010	7.9196	0.1263	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	20
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	60
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0035	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	65
Uterus_n	0.0000	

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointental	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointental	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefasse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0026		0.0000		undef	0.0000	
Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0060		0.0078		0.7675	1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0025		1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0057		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0022		0.0021		1.0799	0.9260	10
Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0031		0.0000		undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef	20
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Elutkoerperchen	0.0026						30
Zervix	0.0000						

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	40
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	45

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
%Haeufigkeit		
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0041	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	60
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				35
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				40
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				50
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				55
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				65
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				70
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				75
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				80
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			45
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			55
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			60
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	
Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	20
Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	25
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				35
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				40
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				60
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				70
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0042				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5	
Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389		
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000		
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	10	
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000		
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145		
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779		
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	15	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000		
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000		
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326		
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842	20	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef		
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	25	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0089				30	
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0118					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
Zervix	0.0106					
FOETUS						
	%Haeufigkeit				35	
Entwicklung	0.0278				40	
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000				45	
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000				50	
Niere	0.0000					
Placenta	0.0061					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000				55	
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				60	
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0012				65	
Gastrointestinal	0.0122					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0097					
Hoden	0.0000				60	
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0050					
Prostata	0.0068					
Sinnesorgane	0.0000				65	
Uterus_n	0.0042					

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0195		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointenstinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0077						
Uterus_n	0.0000						65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenlinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0858	0.0077	11.1866	0.0894	5
Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0038	0.0278	0.1381	7.2434	10
Gehirn	0.0022	0.0144	0.1543	6.4818	
Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379	
Haut	0.0734	0.1695	0.4332	2.3084	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647	15
Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef	
Lunge	0.0073	0.0164	0.4445	2.2496	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265	
Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357	
Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0462				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0128				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0227				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0171				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0077	7.6272	0.1311
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0062	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0010		0.0000		undef	0.0000	25
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	30
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						45
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						
Zervix	0.0000						50
							55
							60
							65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0026	27.4580	0.0364
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645 0.1457	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611 0.7347	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289	10
Gehirn	0.0067	0.0010	6.4796 0.1543	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0117	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540 3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0054	0.0137	0.3965 2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointental	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0087	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0090	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0458	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointental	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0102	6.1018	0.1639
	Brust	0.0141	0.0056	2.4953	0.4008
	Duenndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0078	1.9188	0.5212
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0050	3.7359	0.2677
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0139	2.2089	0.4527
	Gehirn	0.0214	0.0082	2.6099	0.3832
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0360	0.0137	2.6213	0.3815
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0041	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0136	0.0548	0.2478	4.0351
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6800
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1246			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0229	0.0031	7.4396	0.1344	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0201				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0310				
Uterus_n	0.0000				65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Mägen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0113	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0329	0.2025	4.9386
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0323	1.0294	0.9714
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0545
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0697
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564	
Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082	
Lunge	0.0218	0.0266	0.8207	1.2185	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	20
Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857	
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0213	1.1260	0.8881	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0213				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0103	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0709
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706	0.6800	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	15
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0251				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0116				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0194				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0208				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointental	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0071
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0324
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0074	0.0277	0.2667	3.7502	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0115	0.0585	0.1968	5.0816	
Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4997	2.0011	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0083	0.0331	0.2493	4.0114	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0277	0.8661	1.1545	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0229	0.0062	3.7198	0.2688
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0175
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0389
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0251
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
65	Uterus_n	0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035 0.0819	5
Brust	0.0166	0.0132	1.2638 0.7912	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538 0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944	
Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970 2.0121	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999 1.1112	
Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176 3.1487	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0085	0.0275	0.3084 3.2426	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934 0.5905	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856 3.5020	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965 2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samerblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Elutkoerperchen	0.0113			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0260	
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0507	
Niere	0.0247	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	20
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	25
Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointental	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	55
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0029	60
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0154	65
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
					55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				60
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				65
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0104	1.7269	0.5791
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0126	0.0123	1.0199	0.9804
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0102	1.4225	0.7030
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.1030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0192
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0324
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0208



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0115		0.0132		0.8750	1.1429	
Duenn darm	0.0092		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0090		0.0052		1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0050		0.6792	1.4722	10
Gastrointestinal	0.0115		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0030		0.0041		0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef	
Herz	0.0127		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef	
Lunge	0.0042		0.0000		undef	0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0050		0.0000		undef	0.0000	25
Penis	0.0180		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0109		0.0085		1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						
Samenblase	0.0178						35
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						
Zervix	0.0319						

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointensteinal	0.0028	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0107	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0254	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0259	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0077	4.0678	0.2458
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0118	0.0164	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0191	0.0275	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0239	0.0102	2.3370	0.4279
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.2762

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointental	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				60
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				70
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0179	2.8330	0.3530	5
Brust	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309	10
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829	
Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0580	0.0230	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0771	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857	25
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0174	0.0106	1.6378	0.6106	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	30
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0534				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0507	45
Niere	0.0062	
Placenta	0.0242	
Prostata	0.0748	
Sinnesorgane	0.0000	50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0816	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0041	60
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0000	65
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0230		0.0038		6.1248	0.1633
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136		0.0025		5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0022		0.0031		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0212		0.0137		1.5420	0.6485
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0156		0.0164		0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0180		0.3807	2.6265
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0043		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305		0.0068		4.4891	0.2228
25	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0235					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0532					
		FOETUS					
35		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0213					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
45	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0064					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0162					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0080					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0125					

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0312		0.0026		12.2035	0.0819	5
Brust	0.0051		0.0019		2.7221	0.3674	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0025		0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0022		0.0041		0.5400	1.8520	
Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef	
Herz	0.0011		0.0137		0.0771	12.9706	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0021		0.0020		1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0081		0.0000		undef	0.0000	
Pankreas	0.0017		0.0055		0.2991	3.3428	
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0044		0.0021		2.0473	0.4885	25
Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						30
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						
Zervix	0.0000						

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointensteinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	45
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0124	50
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0340	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0021		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0021		0.0137		0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0118					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0000					
		FOETUS					
35		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefasse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
45	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0065					
60	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035 0.0819	5
Brust	0.0102	0.0019	5.4442 0.1837	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999 0.8334	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321 0.4921	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5060	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991 3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0706			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	45
Placenta	0.0667	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0140	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Flutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448	10
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	40
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	45

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	60
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0204	3.0509	0.3278
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.1258	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0319	1.5013	0.6661
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0272	3.9279	0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0541

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0019		0.0000	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gehirn	0.0007		0.0000		undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						35
Sinnesorgane	0.0235						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						
Zervix	0.0000						

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0819	0.0383	2.1356	0.4682	5
Brust	0.0473	0.0320	1.4811	0.6752	
Duenn darm	0.0460	0.0331	1.3903	0.7193	
Eierstock	0.0539	0.0442	1.2190	0.8204	
Endokrines Gewebe	0.0494	0.0652	0.7576	1.3199	
Gastrointestinal	0.0805	0.0139	5.7984	0.1725	10
Gehirn	0.0451	0.0390	1.1557	0.8653	
Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882	1.7000	
Herz	0.0382	0.0825	0.4626	2.1618	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0384	0.0184	2.0886	0.4788	
Magen-Speiserohre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0240	2.1416	0.4669	
Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808	
Pankreas	0.0330	0.0663	0.4986	2.0057	20
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0610	0.0617	0.9883	1.0118	
Uterus Endometrium	0.2838	0.0000	undef	0.0000	
Uterus Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.2206				
Prostata-Hyperplasie	0.0773				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse Blutkoerperchen	0.0737				30
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				
Gastrointestinal	0.0361				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0818				
Lunge	0.0325				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0432				45
Placenta	0.0303				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0340				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines Gewebe	0.0490				55
Foetal	0.0233				
Gastrointestinal	0.0488				
Haematopoetisch	0.0285				
Haut-Muskel	0.0227				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0261				
Prostata	0.1163				
Sinnesorgane	0.0929				
Uterus n	0.0416				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0273		0.0051		5.3391	0.1873	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duenndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059		0.0041		1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef	
Lunge	0.0052		0.0000		undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0109		0.0085		1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0000						30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						
Zervix	0.0000						

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
%Haeufigkeit		
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0167	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0077	4.5763	0.2185
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0391
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0272	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0142				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723	10
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0125	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0126	0.0133	0.9415	1.0622	15
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	20
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526	25
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510	
Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406	30
Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142	
Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631	35
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0256				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0178				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0191				
Zervix	0.0106				50

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0076	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0077	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0749	65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0154	0.3840	2.6043
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5100
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0210			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
60	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0387			
65	Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	15
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointental	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

## Beispiel 3

## Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz.

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgeführt sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.



TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.65	H.sapiens rap1b	193	1722	
2	100	Human zinc finger transcription factor hEZF (EZF) Homolog	235	1187	
3	99.42	Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a	221	1478	
4	99.98	H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2	211	411	
5	97.54	H.sapiens mRNA for aminopeptidase	167	1775	
6	99.93	Homo sapiens secreted apoptosis related protein	252	3181	
7	99.85	Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ)	209	1984	
8	99.61	Homo Sapiens angiotensin II receptor	233	1702	
9	99.2	Human mRNA for RNA helicase (HRH1)	230	2067	
10	96.57	Human Hep27 protein Homolog	219	1302	
11	96.09	H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	211	1254	
12	98.99	H.sapiens rhoB	236	2548	
13	99.77	Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1	210	1673	
14	99.85	Human LIM domain protein CLP-36	247	1593	
15	99.98	Human TRPM-2	124	572	
16	99.74	Human calmodulin-1 (CALM1)	210	2520	
17	99.2	H.sapiens dermatopontin mRNA	216	1722	
18	96.56	Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP)	226	1648	
19	96.3	Human mRNA for alpha-actinin	206	1102	
20	95.44	Human nucleic acid binding protein	94	1610	
21	99.03	H.sapiens mRNA for GAS-3	304	1108	
22	97.54	Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K)	275	675	
23	99.99	H.sapiens mRNA for telokin Homolog	350	350	
24	99.06	Rat growth and transformation-dependent mRNA	152	746	
25	99.61	unbekannt	217	217	
26	100	S.pombe chromosome I cosmid c18G6	248	392	
27	99.94	unbekannt	239	1796	
28	100	O.mykiss mRNA for myosin heavy chain	246	575	
29	98.21	unbekannt	245	2927	
30	99.85	unbekannt	233	743	
31	99.61	unbekannt	253	1667	
32	98.22	unbekannt	249	249	
33	99.03	Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67	249	1246	
34	97.54	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707	215	215	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
35	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid F09E5	221	734	
36	99.03	Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2)	140	314	
37	97.54	G.gallus mRNA for RING zinc finger	196	1839	
38	96.57	Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c	188	1931	
39	99.03	C.sativus mRNA for lipoxygenase	186	294	
40	97.54	P.falciptarum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B)	227	882	
41	98.22	unbekannt	179	179	
42	97.54	unbekannt	238	238	
43	97.54	Xenopus laevis RNA binding protein Etr-3 (etr-3)	307	934	
44	99.03	unbekannt	220	231	
45	99.99	unbekannt	217	669	
46	97.54	unbekannt	208	240	
47	99.85	unbekannt	228	228	
48	99.85	unbekannt	229	1229	
49	97.54	Drosophila melanogaster Dfz2	281	750	
50	97.54	unbekannt	223	231	
51	97.54	Human (c-myb) Homolog	221	1340	
52	99.94	Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2)	211	226	
53	99.03	unbekannt	234	611	
54	99.03	Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1)	204	689	
55	99.61	Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4)	270	560	
56	97.54	Homolog			
57	97.54	unbekannt	149	851	
58	98.22	Caenorhabditis elegans cosmid D2021	225	1354	
59	99.85	unbekannt	218	268	
60	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid K07A12	217	752	
61	97.54	unbekannt	219	1389	
62	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid T09A5	94	726	
63	99.06	unbekannt	205	681	
64	97.54	Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780	244	1116	
65	99.03	unbekannt	226	226	
		Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog	216	806	
66	98.22	unbekannt	241	241	
67	99.99	unbekannt	226	226	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
68	99.03	Chickens pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron	139	151	
69	100	unbekannt	226	2042	
70	99.61	unbekannt	147	147	
71	99.61	unbekannt	143	143	
72	99.97	unbekannt	219	2980	
73	97.54	unbekannt	227	227	
74	99.03	unbekannt	246	246	
75	97.54	Rat mRNA for V-1 protein	222	773	
76	100	unbekannt	293	293	
77	99.06	Caenorhabditis elegans cosmid F13G3	215	870	
78	97.54	A. vinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V	237	237	
79	99.98	unbekannt	439	439	
80	99.97	Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22	219	2483	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
81	97.54	unbekannt	200	202	
82	99.99	unbekannt	220	353	
83	99.2	unbekannt	223	1039	
84	99.03	unbekannt	214	270	
85	97.54	unbekannt	330	330	
86	96.57	Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zle)	235	235	
87	97.54	unbekannt	189	189	
88	97.54	Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog	168	866	
89	97.54	unbekannt	224	224	
90	99.94	Homo sapiens chromosome 16 BAC clone CIT987SK-815A9	231	846	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
91	97.54	Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6	221	223	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
92	98.21	Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene	204	1374	
93	99.61	Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone CIT987SK-A-575C2	224	761	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
94	96.09	unbekannt	225	1825	
95	99.85	Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3	240	1374	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
96	99.03	Caenorhabditis elegans cosmid T15B7	194	2615	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
97	99.03	Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit	233	508	
98	97.54	Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33	197	3588	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
99	99.65	Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein	197	1218	
100	97.54	unbekannt	125	1303	
101	98.22	Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1)	211	2333	
102	97.54	unbekannt	211	1377	
103	97.54	unbekannt	223	315	
104	98.21	unbekannt	219	2355	
105	97.54	unbekannt	245	1339	
106	96.87	Genomic sequence from Human 13	204	3751	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
107	97.54	unbekannt	220	300	
108	99.03	unbekannt	210	1465	
109	97.68	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F25965	216	1488	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
110	97.54	unbekannt	231	783	
111	99.65	unbekannt	212	1045	
112	97.54	unbekannt	225	1386	
113	99.65	unbekannt	151	1747	
114	97.54	Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene	252	1526	
115	96.09	unbekannt	210	1205	
116	98.94	unbekannt	209	3968	
117	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid R08D7	220	798	
118	97.54	unbekannt	297	1068	
119	97.39	unbekannt	303	4584	
120	99.03	Rattus norvegicus AKAP95	243	982	
121	96.57	Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1	253	742	
122	98.35	unbekannt	310	2330	
123	99.74	Bos taurus supervillin	282	1860	
124	96.09	B. taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A	301	807	
125	99.74	unbekannt	303	1932	
126	97.54	Thermomonospora curvata protein kinase PkwaA (pkwA)	281	3024	
127	97.54	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X	300	505	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu

## DE 198 18 620 A 1

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
24	128	5
	129	
3	130	10
25	131	
	132	
	133	15
26	134	
	135	
	136	20
27	137	
	138	
	139	25
28	140	
	141	
	142	30
29	143	
30	144	
	145	35
	146	
	147	
	148	
31	149	40
	150	
	151	
	152	45
32	153	
	154	
	155	50
33	156	
	157	
34	158	55
	159	
	160	
35	161	60
		65

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	35	162
		163
	36	164
10		165
		166
	37	167
15	38	168
	39	169
		170
20		171
	40	172
		173
25		174
	41	175
		176
30		177
	42	178
		179
35		180
	43	181
	44	182
40		183
		184
	45	185
		186
45		187
	46	188
		189
50		190
	47	191
		192
55		193
	48	194
		195
60		196
	49	197

65

# DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
49	198	5
	199	
50	200	
	201	10
	202	
51	203	
	204	15
	205	
52	206	
	207	20
	208	
53	209	
54	210	25
55	211	
56	212	
	213	30
	214	
57	215	
58	216	35
	217	
	218	
59	219	40
60	220	
	221	
	222	
	223	45
61	224	
	225	
62	226	50
	227	
	228	
63	229	55
64	230	
	231	
	232	60
65	233	

65

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	66	234
		235
		236
10	67	237
		238
		239
15	68	240
		241
		242
20	69	243
		244
	70	245
25		246
		247
	71	248
30		249
		250
	72	251
35		252
		253
	73	254
40		255
		256
	74	257
45		258
		259
	75	260
50	76	261
		262
		263
55	77	264
	78	265
		266
60	79	267
	80	268
		269

65



# DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
80	270
81	271
	272
	273
82	274
	275
	276
83	277
	278
	279
84	280
	281
	282
85	283
	284
	285
86	286
	287
	288
87	289
	290
	291
88	292
	293
	294
89	295
	296
	297
90	298
	299
	300
91	301
	302
	303
92	304
93	305

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5		306
	94	307
	95	308
10		309
		310
	96	311
15		312
	97	313
		314
20		315
	98	316
		317
25		318
	99	319
	100	320
30		321
	101	322
	102	323
		324
35		325
	103	326
		327
40		328
	104	329
		330
45		331
	105	332
		333
50	106	334
		335
		336
55	107	337
		338
		339
60	108	340
		341

65

# DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
108	342	5
109	343	
	344	
	345	10
110	346	
	347	
111	348	15
	349	
	350	
112	351	20
	352	
	353	
113	354	25
114	355	
	356	
	357	30
115	358	
	359	
	360	35
116	361	
	362	
	363	
	364	40
117	365	
	366	
	367	45
118	368	
	369	
	370	50
119	371	
	372	
120	373	55
	374	
121	375	
122	376	60
	377	

65

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
122	378
123	379
	380
	381
124	382
	383
	384
125	385
	386
	387
126	388
127	389
	390

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128-390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

## Sequenzprotokoll

## (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

## (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

## (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

cgttgaagta gatgcacaac agtgtatgct tgaaatcttg gatactgcag gaacggagca 60
atttacagca atgagggatt tatacatgaa aaatggacaa ggatttgcatt tagtttattc 120
catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcagagt 180
taaagacact gatgatgttc caatgattct tgttggtaat aagtgtgact tggagatga 240
aagagttgta ggaaggaac aaggtcaaaa tctagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300
cttagaatct tctgcaaaat caaaaataaa tgttaatgag atcttttatg acctagtgcg 360
gcaaattaac agaaaaactc cagtgcctgg gaaggctcgc aaaaagtcatt catgtcagct 420
gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggtc tgaagaactg ttgcccaatt 480
caacagtgcc agcattccaa ctttggttaa cctaccaaca tcttaaatgg actttcctgt 540
gggtggtaccc ttaagaggc ggatgaaagc tactatatca gtttgacat tctaatoact 600
ttccagtatc acaagagaga tttttactta tataatagtc cttagagttg cagctggtaa 660
aaccagaggc tacatccagt attactgcta agagacattc ttcattccacc aatgttgtac 720
atgtatgaaa atggtgtact gtatacttta acatgcccc tactttgtat tggagagta 780
aataatgtaa atcctaaaag caccactatt ttagcataat aaaagaaagt ccaaagagct 840
cctatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgtagctta ttgtaatttt 900
ttttaagaaa ttcaagggtc ttattattgt acaaaaataag cgctttgatt aacacagcta 960
tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacgggt atcttgtctt taaaacatga 1020
tagtcctttc agtataatgt cttagattaa agacgttgcc ttaatatct gttgggaagg 1080
aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct ttttttgatt acataggga 1140
caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaacaa 1200
attttttaat gatttaacaa tttttgtaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc 1260
tcactgtgaa tcccttgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacagg 1320
ttagtatttt tgctgttag tgattgtttc acatgtgtaa cgttttggtt gagatgttaa 1380
atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt gggaagtaat ttaatacata tgtaattgg 1440
cacaaggcct aatttgcat aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt 1500
atgcattaat gtttgatgt aaagattgtg tgtctatcca acagggagcc acagtattta 1560
aattgaccac cctaattgta caactacttt gaggtggcca aatgtaaact aaaagcctta 1620
attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattgcca 1680
tgcaagggct tgcattataa aaaaaaaca aaaaaaaaa aa 1722

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

65

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cggetcgagg aggcgggtctc ttctgtgcacc cacttggggc ctggaccccc tctcagcaat 60
ggccaccggc cggctgcaca cgacttcccc ctggggcggc actccccagc aggactacco 120
cgaccctggg tcttgaggaa gtgctgagca gcagggactg tcaccctgcc ctgccgcttc 180
ctcccggctt ccateccccac ccggggccca attaccatc ctctctgccc gatcagatgc 240
agccgcaagt cccgcccgtc cattaccaag agtcatgcc acccggttcc tgcattgccag 300
aggagcccaa gccaaagagg ggaagacgat cgtggccccg gaaaaggacc gccaccaca 360
cttgtgatta cgcgggctgc ggcaaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420
tgcaaccca cacaggtag aaaccttacc actgtgactg ggaaggctgt ggatggaaat 480
tcgcccgctc agatgaactg accaggcact accgtaaaca cacggggcac cgccggttc 540
agtgcacaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcggacca cctgcctta cacatgaaga 600
ggcattttta aatcccagac agtggatatg accacactg ccagaagaga attcagtatt 660
ttttactttt cacactgtct tcccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcactacaat 720
catggtcaag ttcccactg agtcatcttg tgagtggata atcaggaaaa atgaggaatc 780
caaaagacaa aatcaaaga acagatgggg tctgtgactg gatcttctat cattccaatt 840
ctaaatccga cttgaatatt cctggactta caaatgcc aaggggtgac tggagttgt 900
ggatatcagg gtataaatta tatccgtgag ttggggagg gaagaccaga attccottga 960
attgtgtatt gatgcaatat aagcataaaa gatcacctg tattctcttt accttctaaa1020
agccattatt atgatgttag aagaagagga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaa1080
atagccta at gatggtgttt gtgagcttgg tcctaaagg cccaacaagg gagccaaagg1140
tttaaactgc tggatccttg gcaaggggaa atctgtgttt ttttccg 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

gcgaacccgc gcgctgcccg gtcttgcgct gccagcggg aggggctgga cccgcgcttc 60  
 ctctccctg cgggtcccc tcttaaaag gagagtctgg acgccccgc tgtgggagag 120  
 agcgcggga tccggacggg gagcaaccgg gccagggcgt gccggctgag gaggtcctga 180  
 ggctacagag ctgcgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tgttcgcggg 240  
 ggctgtgagg ggaggcccc gggcgccatt gctggcgggt ggagcgcgc cgggtctcag 300  
 cccgcctcg gctgctctcc tccctcgggt ggagggggc gtagctcggg gccgtcgcca 360  
 gccccggccc gggctcgaga atcaaggccc tcggccggc tccgcagct cagtccatcg 420  
 ccttgccgg gcagccggg cagagaccat gttgacaag acgcggtgc cgtacgtggc 480  
 cctcgatgtg ctctgcgtgt tgcctggctg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540  
 taccctcttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtc atcaagtacc cttacaaaga 600  
 agacaccata ccttatgcgt tattaggtgg aataatcatt ccatcagta ttatcgttat 660  
 tattcttggg gaaaccctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cctttatcag 720  
 gaataactac atagccacta ttacaaagc cattggaacc tttttatttg gtgcagctgc 780  
 tagtcagtc ctgactgaca ttgccaagta ttcaatagga agactgcggc ctcacttctt 840  
 ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatggttaca ttgaatacta 900  
 catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960  
 ctcttcgttt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaa1020  
 gggagactgg gcaagactct tacgccccac actgcaattt ggtcttgttg ccgtatccat1080  
 ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140  
 actcattcag ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaa1200  
 agaaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcataaaac1260  
 accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaggcag cagggtgccc1320  
 aggtgaagct ggctgtttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcac1380  
 tttcttctg ggtgtacaag cctttttaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttgga1440  
 atgcacagtt gtgtgtaaca gatttacctt aactcgtg 1478 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 45

(A) LÄNGE: 411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel 50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA 55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

```

gccacatttc cgggggttttg cggggcccg c gatgttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg ccggggcgct caccggagtc ctgccagctg120
tccggcgctg ggggtggacgt ctgatttatg aagctcccca tccacctatc tgagtacctg180
acttctcagg actgacacct acagcatcag gtacacagct tctctagca tgacttcgat240
ctgatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttctgg ggcgtgttca ccacctacaa300
ccacagagct gtcatggctg ccatctctac ttccatccct gtaatttcac agccccagtt360
cacagccatg aatgaaccac agtgcttcta caacgagtc attgccttct t 411

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

aaaatcctat gatagtataa ctttgcataa gcctactgaa tgataggaaa gtttttagtt 60
tcttatcaaa gaaagagaat aaagtgtttt tttttttcag tttcacattg acatttttat 120
taacgccaac tgttttttaa ttattttttt aaaacaatag cacaaaaatg tttcaaggaa 180
gcagtctcac aatctgatga ctttctgaaa taccgttaag ccacaccaa tatgaatttc 240
tgtaataaac acaaaatatt tttttaagaa aaaaagaaa aaaaaggtagg gaaagaagaa 300
gggaatgaga tttagattta aaactcattg gattaaatag gtgaggctta ttagtaggat 360
atactgttga agcaaacagt ggcacacaca ggcttacagt ctttgttttt taaaccagtt 420
accactaatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcaagc ataaaatgaa 480
ccgggagaag ccagtgttga tactgtttgt aagagggttca agagctggct tttcagacaa 540
ctaagaccat ttttagcaga ataactcctt cagaaaggcc tggtgaaga tctttttatt 600
tctattgtct cacctatata aatttcaggg ttcttataag tcatctttaa aaagaaaaaa 660
ataatgtata tcagttttctc ttatttaatg tggtatgaa agatgtttcc ttattatttc 720
ttcatctcta agaaggacac cagggaaatg ggggtggggg tggaactaaa gggaggaaaa 780
aaaccagaac agggtaggtt tttgtttttt gctttttgtt tttttttggc caaggggtcg 840
gtcacacaga agggaaggca aggaggaaaa cttaaactaca atccttggtt cagattgagt 900
tatgcaggaa tatatcttcc tgatcagtc ccgtgccaaa aaaaaaaaaa gccacttggc 960
attatgcact gactccaact atgtgatacc agctatcagc cttttgtgtt taaccattcc1020

```



# DE 198 18 620 A 1

```

cagaaatgga caccaccctt ggctttatag gctccttgca gaacccattt cacaaaaatg1090
ctcttcacca agaagcctct agtttccttt tggtaggtta taauaacaga acatctgtca1140
ttaacagtag agtgtaaact acttttaacc actgacaagg cttcagaaag tttcacagtt1200
tcgttatgct ctatttttatt actatcatat ttacattttt atttttttatt tattttttgc1260
tgaattgctg attttccttt ttcaatagaa ttttaattctg gagtgtgagc aggaaccagt1320
taactacatt cattgtccaa ccccoactgg tttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380
tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat cctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440
gcggcacctc aggattcaca ctgtgggtgg tgaggccttc cgctgaagga ggtactggtg1500
gatgctctca gcctctcgtt ttagccaggc agcattcagc agaataattt cacaacactg1560
ctggatggta cgctcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaagcct taacctctoc1620
agccatttta tcaactgcaa atccctcaac tgatagctgc aaaacaatgg ttttaaacag1680
taagtgaac caagaggctg agaacaaact tccatttacc ctaaaaataa ataatataa1740
tgtcgcaggc cccaatata atagtagtag gggga 1775

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3181 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

cggtggtgggt gggagcaggg ggggacagtg ccccggaac cgggtgggtc acacacagc 60
actgcgcctg tcagtagtg acattgtaac ccagtcggct tgttcttgca gcattccgc 120
tcccttccct ccatagccac gctccaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
gccatttaga ttaggaagg ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagcc actgcacagg 240
aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa agggggattg 300
ggcggaaagt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttggttgt gtggatctat 360
tggtgatct atgcctttca actagaaaat tctaatgatt ggcaagtac gttgttttca 420
ggtccagagt agtttctttc tgtctgcttt aaatggaaac agactcatal cacacttaca 480
attaaggtca agccagaaaa gtgataagt caggaggaa aagtgcagg ccattatgta 540
atagtgcagc caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgccaca gtctttccgt 600
gtgattgtct ttgaatctga atcagccagt ctcagatgcc ccaaagtttc ggttcctatg 660
agcccggggc atgatctgat cccaagaca tgtggagggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
gtcagaaaaa ggaaaccaca gtgagcctga gagagacggc gatatttcgg ctgagaaggc 780
agtagttttc aaacacataa gttaaaaaag aaacaaatga aaaaaatttt agaacagtcc 840
agcaaatgct tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaattct 900
atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acacccactt atttttcaag 960
gttttaaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaagg ctctgatcc1020
gtccgaggct gcttccaga ggagcagctc tcccaggca tttgccagg gaggcggatt1080
tccctggtag tgtagctgtg tggttttcc tectgaagag tccgtggttg ccctagaacc1140

```

# DE 198 18 620 A 1

```

taacaccccc tagcaaaact cacagagctt tccgtttttt cctttcctgt aaagaaacat1200
ttcctttgaa cttgattgcc tatggatcaa agazzttcag aacagcctgc ctgtcccccc1260
gcacttttta catatatttg tttcattttc gcagatggaa agttgacatg ggtgggggtgt1320
5 ccccatccag cgagagaggt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtacctt1380
gagatacttc ccaaagccct tatgtttaat cagcgatgta tataagccag ttcacttaga1440
caactttacc cttcttgtcc aatgtacagg aagtagttct aaaaaaatg catattaatt1500
tcttccccca aagccggatt ctttaattctc tgcaacactt tgaggacatt tatgattgtc1560
cctctggggc aatgcttata cccagtggag atgctgcagt gaggctgtaa agtggcccc1620
10 tgcggcccta gcctgaccgg gaggaaagga tggtagattc tgtaactctc tgaagactcc1680
agtatgaaaa tcagcatgcc cgcctagtta cctaccggag agttatcctg ataaattaac1740
ctctcacagt tagtgatcct gtccttttaa cacctttttt gtgggggttct ctctgacctt1800
tcacgtgaaa gtgctgggga ccttaagtga tttgcctgta attttgatg attaaaaaat1860
gtgtatatat attagctaatt tagaaatatt ctacttctct gttgtcaaac tgaaattcag1920
15 agcaagttcc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagttctgg ttgattcact caagagttca1980
gtgtcatcac gtatctgtct attttgacaa agtgccctcat gcaaccgggc cctctctctg2040
cggcagagtc cttagtggag gggtttacct ggaacattag tagttaccac agaatacgg2100
agagcaggtg actgtgctgt gcagctctct aaatgggaat tctcaggtag gaagcaacag2160
cttcagaaaag agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg2220
20 tctgtctcag agtcccagga ccttgagttg cattagttac tttattgaag gtttttagacc2280
catagcagct ttgtctctgt cacatcagca atttcagaac caaaagggag gctctctgta2340
ggcacagagc tgcactatca cgagcctttg tttttctcca caaagtatct aacaaaacca2400
atgtgcagac tgattggcct ggtcattggg ctccgagaga ggaggtttgc ctgtgatttc2460
ctaattatcg ctagggccaa ggtgggattt gtaaagcttt acaataatca ttctggatag2520
25 agtcctggga ggtccttgge agaactcagt taaatctttg aagaatattt gtagttatct2580
tagaagatag catgggaggt gaggattcca aaaacatttt atttttaaaa tatcctgtgt2640
aacacttgge tcttggtacc tgtgggttag catcaagttc tccccagggt agaattcaat2700
cagagctcca gtttgcatth ggatgtgtaa attacagtaa tcccatttcc caaacctaaa2760
atctgttttt ctcatcagac tctgagtaac tgggtgctgt gtcataactt catagatgca2820
30 ggaggctcag gtgatctgtt tgaggagagc accctaggca gcctgcaggg aataacatac2880
tggcogttct gacctgttgc cagcagatgc acaggacatg gatgaaattc ccgtttcctc2940
tagttttcttc ctgtagtact cctcttttag atcctaagtc tcttacaata gctttgaata3000
ctgtgaaaat gttttacatt ccattttcatt tgtgttgttt ttttaactgc attttaccag3060
atgttttgat gttatcgctt atgttaatag taattcccggt acgtgttcat tttattttca3120
35 tgctttttca gccatgtatc aatattcact tgactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
a

```

3181

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1964 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

gcaacatgtc	tgccaccaac	attggcattc	ctcacacgca	gagattgcaa	gggcaaatgc	60	
cagtgaaggg	gcacatttcc	atccgctcca	agtctgcgcc	actgccctct	gcggtgtctc	120	5
accagcagca	gctgtatggc	cgtagcccat	cggcagttgc	catgcaggct	ggccctcgcg	180	
cactggctgt	tcagcgtggc	atgaacatgg	gggttaatct	gatgcctact	cccgcctata	240	
atgtcaattc	catgaatatg	aacaccttga	atgccatgaa	cagctatcga	atgacacagc	300	
ccatgatgaa	cagcagttac	catagtaacc	ctgcctacat	gaaccagaca	gcacagtatc	360	10
ctatgcagat	gcagatggga	atgatgggga	gccaggccta	taccagcagc	cctatgcagc	420	
ctaaccctca	tgggaacatg	atgtacacag	gcccctccca	tcacagctac	atgaacgctg	480	
ctggcgtgcc	caagcagtc	ctcaacggac	cttacatgag	aagatgagca	agatgaactt	540	
gcaatcaaaa	acttaaatat	atataaataa	aggaaccttt	tatactgaca	aaccagagaa	600	
aaatggacct	ttttccagtt	aaaatattgc	tgtagattta	gaggaatttt	tctttggttt	660	15
attttatttt	ttagaaaacc	tgatcttctc	tttttttggg	ttcattttgt	tctgggtttt	720	
ggttttcttc	acaatcttga	acatttttaca	gtagaactca	tctaaaaatg	gatttgggga	780	
tggggaaca	tgcacaaaat	cttttcataa	ttaaaaagag	ccttactttc	tttacatacc	840	
acatggacag	aatttgtgta	aaagtgaatt	atctttattt	taaaatgtat	gtttcccttc	900	
actgtttgca	gctcccaatg	ttgtcatttt	taaatgttat	atacatctca	agggttaacc	960	20
agacccttcc	ctccaaaccg	aacctttcat	ttcctacttc	attccagcag	gaggcactta	1020	
ggggagactc	ggatggggac	atggagaaca	acccaagctc	cttaaaactat	taaagtggg	1080	
caggaaaatg	cttctccttt	taaaatcccc	tccactcctc	acacacacac	acctcttga	1140	
acccttcccc	aagaatgttt	ctttatagac	ggacttcatt	gaaatctttg	ttgttcttga	1200	
atcaagtgt	atataatttt	tttcttcttt	tttaaaatat	tccactcag	cactcagaga	1260	25
cacaaaaata	ctgtaagtct	caattaacag	cagaatctca	gagaaaagct	gtttgcaatc	1320	
caaatccagc	ctttggagga	atagagatgg	tcaattaaca	atcaaaaaga	ggagattaac	1380	
ctcttgtttt	tttaccacct	ggtgaatcag	ccataacgca	cacacacgcc	accagcctcl	1440	
ttgtttctag	tatgtacttt	gaaatgctaa	ctgagggtct	tgatgcttga	gcctttgact	1500	
gataaaactc	aaatagcagt	ccccagtgat	ttgcctctta	ggttctttct	taaattgttg	1560	30
gtggatgact	gtacattttt	gtgatttgaa	aaataactga	caaaccattg	aaacagttta	1620	
ttttatgttg	gaagagatgg	cgcagatgtg	tgtcagaagg	gagatcacgg	tgtgagtttc	1680	
gtagctattt	aagtgtatac	tacctctagt	ttttgtatgt	cttttgagat	cctgagttca	1740	
tccctgttga	atcagagtgc	acaagcacct	ctcctgtgag	tggctaata	gaagagggac	1800	
agaccgacca	ccagcacagt	agggcagatc	tggacagcag	aatgttataa	cgcaagttca	1860	35
tgtgttgctc	ccaactccat	tctcttttct	ctcgtgcaac	cagtttgccc	attctcttcc	1920	
tattacttgc	tccagggata	ggtaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaa		1964	

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1702 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

10

15

20

25

30

35

```

ggacacccca ggtatgtgga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttcctatt tgtggccctg 60
gtgatcatgt tctggctcct gattgcctaa tgctgggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120
gctctggact ggtgacgtgc caccccaact cctgggtgtt ggcttcctgg ctaatcttga 180
ctcctggaat cagtgggagc agtaaacatc caaggagtct tgtttcttca tcagagcttt 240
ggaactcgag accagttggc gatgacccct gaatatcgcc accgctgtaa acactctata 300
acttcaggcc ttggcattga gtcattcttc atgggtgaca ccatgaaatc ttgtttcagc 360
cagttctgca ggtcctgact ctgcagaggg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420
ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaag gtatttctgg 480
aaattttcat gtcttttaaa accccttggg aagtgtcttc tgaagccagt gggggctcct 540
cagatagaga ggttccccct tcaaatccca gtgccgtctt gttctctttc cttccccctc 600
cactccccct cttcttctc tgtagagatg caagaaattg ctgtccata aaaatcataa 660
ttgcagtagc taaagctggg gtcacttcgt gaattcacca gagactcaaa gatcttttat 720
tggtctctgg ctgtgctcag tgtctttggc ctgagagaac aacttgaatg acttcttgg 780
ttcctggcat aaattattcc tggtagagac tgtggcttaa ctcacaggtt tcccatcagc 840
tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctctgocag agaacataca gccgagaata 900
ctgccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gacttttggtg 960
ggattttggag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtcccct aggcctgcaga 1020
agcttgaatg catcctctcc cagaacctgc cacaggaaac tgggggcttt gtcaggtcag 1080
cccaactgca tgcaaaagac caccatctc agaagccaag ttgtctttta tgaagaggca 1140
aggaaagggg aaaccacat gtgacctga ttttggtatg gcttgataga gttccctgaa 1200
aactccttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaaccctg 1260
atgatttcta aagccaggtg gcagggcctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg 1320
tcttccctcc tgtggaatcg aggggaaatt attcttccca ataccttgat ttgattttca 1380
gtttcataag cttcttctc tgaatcttat tgagggacta tggtagcaag caggtaggac 1440
tggtcacctg gtggaacagt tcttgcctc cttctaggc ttcacccag aaatccagcc 1500
tctttctgga gaccccaaag ctggaggag atgggctttc ctctgggcct ctcttctac 1560
tttgccatcc aactgtctc ttgctaacct cagcaagaac caacaaatg gtagggaagc 1620
ccatctaat tggctttttt tcttcaatta tggacgtgca ttgttttggg tgggaacaaa 1680
aggttttggg ggggagatgt gg

```

1702

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2067 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

gccgcaggct cccggtgttc ccatttcgag aggagctcct ggctgctatt gcaaatcacc 60
aagtcctcat cattgaaggc gagacagggt cagggaagac caccagatc ccgcagtatc 120
tcctttgagga gggttatata aacaagggtg tgaagattgc ctgcacccaa ccccgagag 180
tggtcgccat gagtgtggcc gcccgagtgg cccgggagat gggtgtgaag cttgggaatg 240
aggttggtta cagcatccgc tttgaggact gcacatcaga gcgaactgtc ctccgctaca 300
tgacagatgg gatgcttctc cgggagttec tctctgagcc tgacctggcg agttacagcg 360
tggtgatggg ggatgaggca cacgaaagga ccctacacac agacattctc tttggattga 420
tcaaggatgt tgctcgcttc cgacctgagc tcaaggctct ggtggcttca gccacaatgg 480
aactgcccgc tttttccacc ttctttgatg acgcccctgt gtttcgaatc cccggacgca 540
ggtttctgtt ggacatcttc tacaccaagg ctccagaggg tgactacttg gaagcttgtg 600
tagtatctgt gttgcagatc catgtgacct agccccctgg ggatactctg gtgttctctg 660
caggacagga ggagattgag gctgcctgtg agatgctcca ggatcgctgc cgccgctctg 720
gctccaaaat ccgggagctc ctggtgctgc ccatttatgc caatctgccc tctgacatgc 780
aggcccgtat ctccagcccc acaccacctg gggcacgaaa ggtgggtgtg gcaacgaaca 840
ttgctgagac atcactoacc attgagggca tcatttatgt gctggatcca gggttctgta 900
agcagaagag ctacaacccc cgcacaggca tggaaatcgt cactgtcaca cctgcagca 960
aggcctcagc caatcagcga gctggcaggg caggctcggg ggctgcaggg aagtgttcc1020
gcctgtatac cgctggggcc tatcagcagc agcttgagga aaccacagtg cctgagatcc1080
agaggaccag cttgggcaat gtcgtgttgc tgctcaagag cttagggatc catgacctaa1140
tgcaacttga tttcctggac cctccaccat atgagacact gctgctggct ttggagcagc1200
tgta-gctct gggagccctc aaccaccttg gggagctcac cacgtctggg cgaaagatgg1260
cagagctgcc ggtggacccc atgctgtcca aaatgatctt agcctctgag aagtacagct1320
gttcagagga gatcctgaca gtggctgcca tgctctctgt caaacaactcc atcttctacc1380
gaccaaagga caaggtcgtc catgctgaca atgcccgtgt caacttcttt ctccctggcg1440
gtgaccacct ggttctgcta aatgtttaca cacagtgggc tgagagtggg tactcttccc1500
agtgggtgta tgagaacttt gtacagttca gatcgatgcg ccgagcccgg gatgtgcggg1560
aacagctgga agggctcttg gaacgtgtgg aagttggctc cagttcctgc cagggggact1620
atatecgtgt acgcaaggcc atcaactgctg gttactttta ccacacggca cggttgactc1680
ggagtggcta ccgcacagtg aaacagcagc agacagtctt cattcatccc aactcctccc1740
tctttgagca acagccacgc tggtgctct accacgaact tgtcttgacc accaaagagt1800
tcaltgagca ggtactggag attgagagca gttggcttct ggaggtggct cccattatt1860
ataagccaaa qgagctagaa gatccccatg ctaagaaaaa gcccaaaaaa ataggcaaaa1920
cacgagaaga gctagggtaa gagaaggacg taaacagaa ctgacaccag ctccctttcc1980
ttctatacat tatttaatac ctattaaata aaattatttt tggaataaag cttgtgggaa2040
catttqqqat ctaaaaaaaa aaaaaaa 2067

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1302 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

ctcgagtga acccatactt gctggtctga tccatgcaca aggcggggct gctaggcctc 60
tgtgccccgg cttggaattc ggtgcggtat gccagctccg ggatgacccg ccgggacccg 120
ctcgcaaaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggatcggtt cgccatcgcc 180
cggcgtttgg cccaggacgg ggcctatgtg gtcgtcagca gccggaagca gcagaatgtg 240
gaccaggcgg tggccacgct gcagggggag gggctgagcg tgacgggcac cgtgtgccat 300
gtggggaagg cggaggaccg ggagcggctg gtggccacgg ctgtgaagct tcatggaggt 360
atcgatatcc tagtctccaa tgctgctgtc aaccctttct ttggaagcat aatggatgtc 420
actgaggagg tgtgggacaa gactctggac attaatgtga aggccccagc cctgatgaca 480
aaggcagtgg tgccagaaat ggagaaacga ggaggcggct cagtgggtgat cgtgtcttcc 540
atagcagcct tcagtccatc tcctggcttc agtccttaca atgtcagtaa aacagccttg 600
ctgggcctga ccaagacctt ggccatagag ctggcccca a ggaacattag ggtgaactgc 660
ctagcacctg gacttatcaa gactagcttc agcaggatgc tctggatgga caaggaaaaa 720
gaggaaagca tgaaagaaac cctgcggata agaaggttag gcgagccaga ggattgtgct 780
ggcatcggtg ctttcctgtg ctctgaagat gccagctaca tcaactggga aacagtgggtg 840
gtgggtggag gaaccgcgtc ccgcctctga ggaccgggag acagcccaca ggccagagtt 900
gggctctagc tcctgggtgt gttcctgcat tcacccactg gcctttccca cctctgctca 960
ccttactgtt cacctcatca aatcagttct gccctgtgaa aagatccagc cttccctgcc1020
gtcaaggtgg cgtcttactc gggattcctg ctgttgttgt ggccttgggt aaaggcctcc1080
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggctgagtct accttggcaa agaccaagat1140
attttttcct gggccactgg ggaatctgag gggatgatgg agagaaggaa cctggagtggt1200
aaggagcaga gttgcaaat aacaacttgc aaatgagggt caaataaaat gcagatgatt1260
gcgcggcttt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1302

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

tgggccgccc ccgaacccc cgcgccactc gtcgctcag agggaggaga aagtggcgag 60
ttccggatcc ctgcctagcg cgcccacacc ttactccag agatcatggc tgccgaggat 120

```

# DE 198 18 620 A 1

gtggtggcga	ctggcgccga	cccaagcgat	ctggagagcg	gcgggctgct	geatgagatt	180	
ttcacgtcgc	cgctcaacct	getgctgctt	ggcctctgca	tcttcctgct	ctacaagatc	240	
gtgcgcgggg	accagccggc	ggccagcggc	gacaggacga	cgacgagccg	ccccctctgc	300	
cccgctcaaa	gcggcgcgac	ttcaccoccg	ccgagctgcg	gcgcttcgac	ggcgccagg	360	5
accgcgcgat	actcatggcc	atcaacggca	aggtgttcga	tgtgaccaa	ggccgcaaat	420	
tctacggggc	cgaggggccc	tatgggtctt	ttgctggaag	agatgcaccc	aggggccttg	480	
ccacattttg	cctggataag	gaagcactga	aggatgagta	cgatgacctt	tctgacctca	540	
ctgctgcccc	gcaggagact	ctgagtgaat	gggagtctca	gttcaacttt	aagtatcatc	600	
acgtgggcaa	actgctgaag	gagggggagg	agcccactgt	gtactcagat	gaggaagaac	660	10
caaaagatga	gagtgcggcg	aaaaatgatt	aaagcattca	gtggaagtat	atctattttt	720	
gtatttttga	aaatcatttg	taacagtcca	ctctgtcttt	aaaacatagt	gattacaata	780	
tttagaaagt	tttgagcact	tgctataagt	tttttaatta	acatcactag	tgacactaat	840	
aaaattaact	tcttagaatg	catgatgtgt	ttgtgtgtca	caaatccaga	aagtgaactg	900	
cagtgcgtga	atacacatgt	taatactgtt	tttcttctat	ctgtagttag	tacaggatga	960	15
attttaaattg	gttttttcctg	agagacaagg	aagacttggg	tatttcccaa	aacaggtaaa	1020	
aatcttaaat	gtgcaccaag	agcaaggat	caacttttag	tcatgatgtt	ctgtaaagac	1080	
aacaaatccc	tttttttttc	tcaattgact	taactgcacg	atttctgttt	tatctacctc	1140	
taaagcaaat	ctgcagtgtt	ccaaagactt	ttggtatgga	taagcactag	gcccgtgtcc	1200	
cgttaaccaa	aatggaaatc	ttccaaaaca	ggaggetcag	gctggccaaa	aagg	1254	20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

gcccgcagccc	tcatctgcca	cgcagctctg	gttggagctg	ttgtcttgta	tgtccagcga	60	
ggcccggaga	gacccgggag	agagctaggg	cgagtcacc	gcccagctct	gctgcccag	120	
cccgcttac	gcacaaagcc	gcccgtcccc	ggcctggggt	gagcagagcg	accaccgccc	180	55
gggagcagcg	cgccgagacg	cacgggtgcg	cctatgcccc	cgccgcccc	ccgccccgc	240	
cgccgagccc	gaagcgagc	gagagaacgc	gccaccgccc	ggcccggttg	cagctagcga	300	
ccctctcgcc	acctgcccgc	agcccagagt	gagcagtga	cgccgagcgg	gagggcagcg	360	
aggcgttcgc	gggccccctc	ctgctgccc	ggcccgccc	tcatggcggc	catccgcaag	420	
aagctggtgg	tggtggcgga	cgccgctgt	ggcaagacgt	gcctgctgat	cgtgttcagt	480	60
aaggacgagt	tcccagaggt	gtacgtgccc	accgtcttcg	agaactatgt	ggccgacatt	540	
gaggtggacg	gcaagcaggt	ggaggtggcg	ctgtgggaca	cgccgggcca	ggaggactac	600	
gacccgctgc	ggccgctctc	ctaccgggac	accgacgtca	ttctcatgtg	cttctcggtg	660	
gacagcccgg	actcgtgga	gaacatcccc	gagaagtggg	tccccgaggt	gaagcacttc	720	
tgtcccaatg	tgcccatcat	cctggtggcc	aacaaaaaag	acctgcgcag	gacgagcatg	780	65

# DE 198 18 620 A 1

```

tecgacacaga gctggccgcg atgaagcagg aaccggtgcg cacggatgac ggccgcgcca 840
tgcccggtgcg catccaagcc tacgactacc tcgagtgtc tgccaagacc aagggaaggcg 900
tgccgagaggt cttcgagacg gccacgcgcg ccgcggtgca gaagcgctac ggctcccaga 960
5 acggctgcat caactgctgc aagggtgtat gagggccgcg ccggtgcgc ctgcccctgc 1020
cggcacggct cccctcctg gaccagtcgc ccgcgagccc ggagaagggg agaccggtgt 1080
cccacaagga cccacccggc ctgcttgcca tctgtctgt gacgcctctg gcttgccgca 1140
ggacttgccg tgggcaccgg gcgccccat ccagtggtc gtgtgcgtcc agctgtgtgt 1200
cacaggcctg ggctcccccac tgagtgcaca gggctccctg agcatgcttt tctgaagagc 1260
10 cgggctcag agtgtgtggc tgtgtgtctg ttcgactccc ctgccccat tttcacccca 1320
ccccgcctc tgatccccgg gggcgagatt ggcgcgggag tgtggccgcg ccccatcaga 1380
tgttcgccct tcaccagcgg gagcttgata tcccttgtct gtaacataga ccccggttac 1440
tgccgggagg gagggctgct ggggaggatg gggggatgtt atataaatat agatataatt 1500
ttattttcgg agctaagatg gtgttattta aggttggtga tgggtgagcg ctctggccca 1560
15 ggctgggcca gactccgccc caagcatgaa caggacttga ccatctttcc aaccctggg 1620
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcccggc 1680
agcccgctgc gaacctcca ccagctaccg gagggaggag ggaggatgcg ctgtggggtt 1740
gtttttgcca taagcgaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaaga 1800
actgatgtta tttgattttt ttaaaggcta aaatttgttt ttttattctt tgcacaattg 1860
20 tttcattgtt tgacacttaa tgcactcgtc atttgcatat gacagttagc ttctgaccac 1920
acttgtacgc tgtaacctca tctacttctg atgtttttta aaaatgactt ttaacaagga 1980
gagggaaaag aaaccacta aattttgctt tgtttccttg aagaatgttg caaactgtt 2040
ttgtgatttt atttgtgcag gtcattgcaca cagttttgat aaagggcagt aacaagtatt 2100
ggggcctatt tttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctg 2160
25 caccctgtga cagagaatac acctgcccct gtatatcctt ttttcccctc cctcccctcc 2220
cagtggtact tctactaaat tgttgtcttg ttttttattt tttaaataaa ctgacaaaatg 2280
acaaaatggt gagcttatga tgtttacata aaagtctctat aagctgtgta tacagttttt 2340
tatgtaaaat attaaaagac tatgatgatg acatttttat aaaagaaatc ttgtgggtta 2400
atagtgtgta aaaataacct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat 2460
30 cctttcttc caactcctt tcccttatag caaatgtagt aaatgaggat gaagtccctt 2520
tgagagcatg tgggggttgg gtgaccaa 2548

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1673 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - 40 (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - 55 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

accaatgcac atgtagtaat caaatgtttg gggctagata ttatggtata caaaaaacat 60
taaaatcatg tggtttgcaa gcaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120
65 aaccacaaat tcaagaaatt ttttaaaaag acaaaagcca gttacaaaag atttgaccaa 180

```



# DE 198 18 620 A 1

```

taaaacccct cgagcccaca gccttatcag ctggggctga gggaagactg gtctaggtgc 240
tgctcctgaa cttgggtctct gagccatggc ttcccataga cactcaggtc cctccagcta 300
caaggtgggc accatggcgg agaagtttga ctgccactac tgcagggatc ccttgcaggg 360
gaagaagtat gtgcaaaaagg atggccacca ctgctgcctg aaatgctttg acaagttctg 420
tgccaacacc tgtgtggaat gccgcaagcc catcggtgcg gactccaagg aggtgcacta 480
taagaaccgc ttctggcatg acacctgctt ccgctgtgcc aagtgccttc accccttggc 540
caatgagacc tttgtggcca aggacaacaa gatcctgtgc aacaagtgca ccactcggga 600
ggactcccc aagtgaagg ggtgcttcaa ggccattgtg gcaggagatc aaaacgtgga 660
gtacaagggg accgtctggc acaaagactg cttcacctgt agtaactgca agcaagtcac 720
cgggactgga agcttcttcc ctaaaaggga ggacttctac tgcgtgactt gccatgagac 780
caagtttgcc aagcattgcg tgaagtgcaa caaggccatc acatctggag gaatcactta 840
ccaggatcag ccctggcatg ccgattgctt tgtgtgtgtt acctgctcta agaagctggc 900
tgggcagcgt ttcaccgctg tggaggacca gtattactgc gtggattgct acaagaactt 960
tgtggccaag aagtgtgctg gatgcaagaa cccatcactt gggtttgcta aaggctccag1020
tgtggtggcc tatgaaggac aatcctggca cgactactgc ttccactgca aaaaatgctc1080
cgtgaatctg gccaaacaagc gctttgtttt ccaccaggag caagtgtatt gtcccgactg1140
tgccaaaaag ctgtaaaactg acaggggctc ctgtcctgta aaatggcatt tgaatctcgt1200
tctttgtgtc cttactttct gccctatacc atcaataggg gaagagtggc ccttcccttc1260
tttaaagttc tccttcctgc ttttctccca ttttacagta ttactcaaat aagggcacac1320
agtgatcata ttagcattta gcaaaaagca accctgcagc aaagtgaatt tctgtccggc1380
tgcaatttaa aaatgaaaac ttaggtagat tgactcttct gcatgtttct catagagcag1440
aaaagtgcta atcatttagc cacttagtga tgtaagcaag aagcatagga gataaaaccc1500
ccactgagat gcctctcatg cctcagctgg gaccacccgt gtagacacac gacatgcaag1560
agttgcagcg gctgctccaa ctcactgctt caccocgtt ctgtggagcc gggagaagg1620
accctactgg accatggcat ggggttaact ttctcatca ggactctggc cct 1673

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1593 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

ggggccagga cgccgccgg cgcgagtggt ctgcctgcg cggggacact cagagccgg 60
tgggcgggag gaagcgcca tgcccagac ggtgatctc ccggccctg cgccctggg 120
cttcaggctc tcaggggga tagacttcaa ccagccttg gtcatcaca ggattacac 180
aggaagcaag gcggcactgc caacctgtgt cctggagatg tcatcctggc tattgacggc 240
tttgggacag agtccatgac tcatgctgat gcgcaggaca ggattaaagc agcagctcac 300
cagctgtgtc tcaaaattga caggggagaa actcacttat ggtctccaca agtatctgaa 360
gatgggaaag cccatccttt caaaatcaac ttgaatcag aaccacagga attcaaaccc 420

```

# DE 198 18 620 A 1

```

attggtaccg cgcacaacag aagggccccag cettitgttg cagctcctaaa cattgaigac 480
aaaagacagg tagtgagcgc ttccataaac tgcaccaactg ggctctatcc aactagcaat 540
atacaagatg cgcttcacgg acagctgogg ggtctcattc ctagctcacc tcaaaacgag 600
5 cccacagcct cgggtgcccc cgagtcggac gtgtaccgga tgcctcacga caatcggaat 660
gagccacac agcctcgcca gtcgggctcc ttcagagtgc tccagggaat ggtggacgat 720
ggctctgatg accgtccggc tggaaacggg agtgtgagag ctccgggtgac gaaagtccat 780
ggcgggttcag gcgggggcaca gaggatgccg ctctgtgaca aatgtggggag tggcatagtt 840
gggtctgtgg tgaaggcgcg ggataagtac cggcaccctg agtgcttcgt gtgtgccgac 900
10 tgcaacctca acctcaagca aaagggtctac ttctcatag aaggggagct gtactgcga 960
acccacgcaa gagccgcac aaagccccc gagggctatg acacgggtcac tctgtatccc1020
aaagcttaag tctctgcagg cgtggcacgc acgcacgcac ccacccacgc gcacttacac1080
gagaagacat tcatggcttt ggcagaaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaa1140
gtcaaggctt tagaccttta tctattgtt tattgaggaa aaggaatggg aggcgaatgc1200
15 ctgctatgtg aaaaaaacat acacttagct atgttttgca actctttttg gggctagcaal260
taatgatatt taaagcaata attttttgta tgtcactact cacaatttac atgtatatta1320
cagccatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttccttgacal380
agttgatatt gcaattgtgg taaatagcaa ataacaatct tgtattctaa cataatctgc1440
agttgtctgt atgtgtttta actattacag tgcattgtag ggagaaattc cctgaatttc1500
20 tttagttttg tattcaaaaa attatgccac tgcattgcaa aaacataata aatacataaa1560
agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaa aaa 1593

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 572 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cattcttttg gcgtgagtca tgcaggtttg cagccagccc caaaggggggt gtgtgcgga 60
gcagagcgct ataaatacgg cgctcccgag tgcacacaac gcggcgctgc caggaggagc120
gcgcggggcac aggggtgccgc tgaccgaggc gtgcaaagac tccagaattg gaggcatgat180
gaagactctg ctgctgtttg tggggctgct gctgacctgg gagagtgggc aggtcctggg240
ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaatgtcc aatcaggga gtaagtacgt300
caataaggaa attcaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaaa360
aacaaacgaa gagcgcaaga cactgctcag caacctagaa gaagccaaga agaagaaa420
ggatgccta aatgagacca ggggatcaga gacaaagctg gaggggctcc caggagtgtg480
caatgtgacc gtggtgggct tctggggaga gtgtaagccc ttccttaaac agacctgcat540
65 gaagtgtgctg aacgggtgtt cagaaagtgg ct 572

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2520 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16 30

```

cgctcctcta cccaattttt ttttttagag atgaaaggct gcagaaatgt ttattgaata 60
cagtgccagg tttataaata aaacgtattt acaattttcca tagagttggc ccccatcag 120
agaggtggtt aaatctccaa acagtttatc tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tccttttcaa atagccatgg tgaagggcaa cttcagtaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttgga gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ccttcttact ccaagggata cagacagcaa agaatttctg tctctacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg gagggataga ttaagacaca 420
ttagtggaat tctagtcact gccaaaggag aaatatatct aggatataca ataaataatt 480
caaatgctta aaataattga atgaacggaa gagtagactt gaccaaattt acattcgttg 540
ttcaggaaga gattcccagt atgctgaggg gttcgtggta agctattcct ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagcgtt tcattacaat attgttaca gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaaata tgtacaatag ctcatcttca atgtgtgtaa 720
gttgccgaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaatttcatt tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780
ccttccttgg caacagtgc tcaaaagccc atctgaaata tcgagatcca tttgcctcgc 840
tcaacaccta ccccaaacag atggagaaca aaactatgaa aggggttgcc aagtactcag 900
cagttttcta tggcaagtct caggctaaag caggatgcc gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgtatatatt tatagagtag ttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag 1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgccagg acaccagct atttctctc acaaactcat 1080
gcagactaac acccaacgcc tgggctggtc atcccccaa ataccagggc ggaaggctac 1140
agtggattct gcctcacctc tgcctcaaac tggaaactcag cattccctgg agggggaggg 1200
tgtagggttt ctggttccca gacacgatcc tggccataca agaactcctg ttcaaaggtat 1260
gtcttttagg atacgctgca ggaccactaa gagtcacccc agcttctaaa gacttgaggg 1320
ttagaaggct acatttcgaa aaaacaagtc aaatatcccc ctccagcccc ctttgaaact 1380
accgagaggt catcgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc tttgaccacc 1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa cttactcaaa ccaggaaccc tatctcacca 1500
gaagagaaac cccaaggtaa ccttaggcatt tcctttcaga ttcaggtaat tacaaaagcc 1560
aacccttagc tcatagtgtc aacatctcct ctaccaacca ccagcccaa ggaccagtag 1620
cagaagcaca tgggcgtgtg ctcccctcca ctgctctgac ccacccctct ggcagaaaat 1680
ctaacaagct acaaaatgcc agaaagacag ggagtaggag aaggagaagc caagggtctc 1740
tataaatcag ccctgaatgc acccatttgg ctgccaagag cttctcactg ccttgctagc 1800
agcctgccac tgttccctgg caaattgaaa ccaccacgc aaacactcaa aacccaatc 1860
tccttgctaa taagatacaa ccagttaaca ccgtgaaaaa tgcacatctc cagccttcat 1920
ttcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgcttttaa aggggggttt acagggacca 1980

```

atctcaatgc aaagaccagt accagatgtc tgagtcttgg ttacaggttt ataattagac2040  
 acaaaattca ctccacactg gagttttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact2100  
 tggggggaaa aaagcaaagt caagtcaact tgggaaaaaa aaaaaaagga ggaggaggct2160  
 5 aagtataatc ataaattaaa agtcgcgaat caaagggtgac tggtagtgtc ttttaggcat2220  
 gaagagactg gcttacaaaa gtgactactg ctctaccac acacagcgaa gattgaatta2280  
 cagacacact aaatcatgtc tcttgagat ggtctcaagt agttacataa gacaggtaat2340  
 cagcagcaca attgagaaca acccctaaa acatgcttga gagaaagtgg gttttttttt2400  
 10 tccttaagag ctctactgcc tgaatagatc attaaaagtt accataattc accttcccccc2460  
 ctccccccag tgaaaatgca actagaccta catgttccat aaataggatg aagtcctctgc2520

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60  
 tagtcaccat ggcttggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120  
 45 actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180  
 aggggcaggat gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaagggaagt tctgacagac 240  
 aatggaacta cgctgcgatg cccacaccac agagcctcgg ggaaccacag gagtgttgtt 300  
 gggaggagat caacagggct ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360  
 50 tggcaggatt ccagagccgc tacttcagat cagtgtctga tcgggagtgg cagttttact 420  
 gttgtcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480  
 actatggtga ggaaatggac atgatttctt acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540  
 caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600  
 ctgaatacga ctgtgaattt gcaaatgttt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660  
 55 ggaaaggggc cggggacagg aggggttcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720  
 gaagtctctg ctgtctctt tcttctctcc tgagctggta actgcaatgc caacttctctg 780  
 ggcttctctg actagtatca cacttctaataaaaatccaca attaaaccat gtttctcact 840  
 tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttctt gcacaccaca 900  
 tatacagtgc gcatgcttac agcggggtt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960  
 60 tttttactgc agaattgaact gcaagtctcag catagtggag gggagaggca gaactggagg1020  
 agagggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgtg ggttccccac1080  
 caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat ctccctcctc ccctgtctca catgagccat1140  
 gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggagggt1200  
 aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaaac aggggttgaa ggatttctctg1260  
 65 aattagaaga caaacgttag cataccagat aaggaaaatg agtgaggagg ccagggggaac1320  
 ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaagggaag cagagaatgg tcagagaatg1380

# DE 198 18 620 A 1

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaaactggg aagtggaaaa1440  
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcttaggaag gctggcagac1500  
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560  
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgcal620  
gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgcctgctc ccaaccattt gtactcttcal680  
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcgatgc atcacggctc atcttccggc 60  
tcagttcctc cagtgtgtg cgggccaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120  
gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtga gccctctcat agccatcgca 180  
ctgaaaatat ccagattca tgagagaact ggccggaggg gacccactgt catcacctga 240  
atagaggaaa gatcactcac cagggccaaa gagagtgtc agcgggagat gcttactga 300  
tgcttcttg ctacctgtt gtgcctctta tgactttgga aaaaacaaaag atattttgct 360  
tttgggggat agagggtggg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgtcc 420  
tattcctcca aatgcagcag ggcttttagt tgtctgttaa agctgcacta taatttggtg 480  
tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc ctcttgacaa caactgggct aggcagctgt 540  
taatcacaaac atttgtgat cacttgtgcc aagtggagaa atgttctaaa atcacaaagag 600  
agaacagtgc cagaatgaaa ctgacctaa gtcccagggt cccctgggca ggcagaagga 660  
gacactocca gcatggagga gggtttatct ttcatccta ggtcaggtct acaatggggg 720  
aaggttttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tgccaccac ccgatggccc 780  
tgctccccc atccatccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840  
ttgtacaaat cacaatgggt cacttccaac aaaatatatc aatagggtgt ttctctctt 900  
attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatac ctcttttcaa attcagccat 960  
tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020  
tggaggggat ccttccttga ttacatcaag tatgttggt catgggttta tacaagttcc1080  
tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aataggggcc1140  
tatcttaattg cacttgtttg gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaaggag1200  
aggatgaaat ggtgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattggtg1260  
gtacagctat ggtccagatg gtggagggga ggggtggggac cccctgccggc aagcagagtg1320  
tcacagctgg ctctctcac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctctctgtal380  
ctcagccagg acaccagcg cgtgggacct gttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg1440  
gcacagtcac tcacctgcc atttgcggaa atgacctggg gcactttgac tgtaagcaal500  
tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattcccagt aaggtatttg1560

40

45

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgctag gacttttagtg gcccaataaaa1620.  
aagaaattcc taatttcaac cttaaaaa 1648

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

tgcgcgcgg	gctgggtccc	accagggaga	agcagaattt	gcccgcattca	tgagcattgt	60
ggaccccaac	cgcctggggg	tagtgacatt	ccaggccttc	attgacttca	tgteccgcga	120
gacagccgac	acagatacag	cagaccaagt	catggcttcc	ttcaagatcc	tggtctgggga	180
caagaactac	attaccatgg	acgagctgcg	ccgcgagctg	ccacccgacc	aggctgagta	240
ctgcacgcg	cggatggccc	cctacacccg	ccccgactcc	gtgccagggtg	ctctggacta	300
catgtccttc	tccacggcgc	tgtacggcga	gagtgacctc	taatccaccc	cgcccgggccg	360
ccctcgtctt	gtgcgcctg	ccctgccttg	cacctccgcc	gtcgcctatc	tccctgcctgg	420
gttcggtttc	agctcccagc	ctccaccggt	gtgagctggg	gcccacgtgg	catcgatcct	480
ccctgcccgc	gaagtgcacg	tttacaaaat	tattttctgc	aaaaaagaaa	aaaaagttac	540
gttaaaaaac	aaaaaactac	atattttatt	atagaaaaag	tattttttct	ccaccagaca	600
aatggaaaaa	aagaggaaa	attaactatt	tgcaccgaaa	tgtcttggtt	tggtgcgaca	660
taggaaaata	accaagcaca	aagttatatt	ccatcccttt	tactgatttt	tttttcttct	720
atctgttcca	tctgctgtat	tcatttctcc	aatctcatgt	ccatttttgt	gtgggagtcg	780
gggtaggggg	tactcttgct	aaaaggcaca	ttggtgcatg	tgtgtttgct	agctcacttg	840
tccatgaaaa	tattttatga	tattaaagaa	aatcttttga	aatggctgtt	ttttaaggaa	900
gagaatttat	gtggcttctc	atttttaaat	ccctccagag	gtgtgactag	tctctttatc	960
agcacacact	taaaaaattt	ttaatatgtt	ctattaaaaa	taggacaaac	ttggagagta	1020
tggacaactt	tgatattgct	tggcacagat	ggtattaaaa	aaaccacact	cctatgacaa	1080
aaaaaaaaaa	aaaaaaactc	gg				1102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```
gcgcgctgat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60
gccgtgtgca gaccgcgcgtg tggcgaggcg aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120
tgcgagccgt cttccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gctgcgggcc cgctccgacg 180
cggaagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgtct caagtgtgga cgatctggcc 240
actgggcccc ggaatgtcct actggtggag gccgtggctg tggaatgaga agccgtggca 300
gagggtttcca gttgtttcc tctctcttcc cagatatttg ttatcgctgt ggtgagctcg 360
gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagaggtg 420
gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480
gtggcaaac accgcatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540
cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tatagggtgtg 600
gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660
gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattatttt 720
cctttgtcgc cctccttttt tctgattgat ggttgtatta tttctctga atcctcttca 780
ctggccaaag gttggcagat agaggcaact cccaggccag tgagctttac ttgccgtgta 840
aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900
gtttagtttg gtagagggtg tatgtataat gctttgttaa agaaccctt tccgtgcca 960
ctggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg 1020
ttccttgaa atgttcccat gtaggaggta aaaccaattc tggaaagtgc tatgaacttc 1080
cataataaac tttaatttta gtataatgat ggtcttggat tgcctgacct cagtagctat 1140
taaataacat caagtaacat ctgtatcagg cctacatag aacatacagt tgagtgagg 1200
taaacaaaaa gataaacatg cgtgttaatg gctgttcgag agaaatcgga ataaaagcct 1260
aaacaggaac aacttcatca cagtgttgat gttggacaca tagatgggta tggcaagggt 1320
ttagaacaca ttattttcaa agactaaatc taaaaccag agtaaacatc aatgctcaga 1380
gttagcataa tttggagcta ttcagggaat gcagagaaat gcattttcac agaaatcaag 1440
atgttatatt tgtatactat atcacttaga caactgtgtt tcatttgctg taatcagttt 1500
ttaaaagtca gatggaaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaaaact 1560
attccaataa agctggagga ggaaggggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

ggagggcgcg ggagagtagg gtgctgtggt ctgagctaga ggggaagct ggaggacagg 60
aggatgggcy tatgcaggtg atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcctg 120
ggcgagcagt ctgaatgccg gaatggataa ccgttttget acagcatttg taattgcttg 180
tgtgcttagc ctcattttcca ccatctacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
tgaatatcga agtccagttc aagaaaattc cagtgtattg aataaaagca tctgggatga 300
attcattagt gatgaggcag atgaaaagac ttataatgat gcactttttc gatacaatgg 360
cacagtggga ttgtgggagac ggtgtatcac cataccctaa aacatgcatt ggtatagccc 420
accagaaagg acagagtcac ttgatgtggt cacaatatgt gtgagtttca cactaactga 480
gcagttcatg gagaaatttg ttgatcccgg aaaccacaat agcgggattg atctccttag 540
gacctatctt tggcgttgcc agttcctttt accttttgtg agtttaggtt tgatgtgctt 600
tggggctttg atcggaactt gtgcttgcac ttgccgaagc ttatatccca ccattgccac 660
gggcattctc catctccttg caggctctgtg tacactgggc tcagtaagtt gttatgttgc 720
tggaattgaa ctactccacc agaaactaga gctccctgac aatgtatccg gtgaatttgg 780
atggtccttc tgccctggctt gtgtctctgc tcccttacag ttcattggctt ctgctctctt 840
catctgggct gctcacacca accggaaaag gtacacctta atgaaggcat atcgtgtggc 900
atgagcaaga aactgcctgc tttaacaatt ccatttttat ttttttaaaa taatactgat 960
attttcccca cctctcaatt gttttaattt ttaaattggg ggatatacca ttttattatg 1020
gaaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac ccccttaat accccctaaa 1080
atttaagggg gggtacctta aagcgatg 1108

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 675 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

agggaaagag	agagagaggc	ctagacgaac	acaatcacat	gttttctttg	ctgttcctcc	60	
cgggatgggc	ctgttttggg	gtttgggact	ctgaacccga	gcggggttcc	ttcgcttgac	120	5
tttgatcctg	gtccttaaat	gcctttcccc	actcccctcc	cgtgggttca	ggggccaagc	180	
ggccctcct	cagagcacgg	gcagcacctg	ctcctggacc	cctgtgtgcc	agcctctgca	240	
gacgcagctg	gtgggagggg	gcattggatt	ggagggtggg	aagtcactcc	tggtcctcgg	300	
agggggtggg	ctgtgtgcct	agttcagtgt	gactcgggga	ttggtgagg	cggaacaggt	360	10
tctgaggcct	ccctagcctt	ctttgttaaat	tcacacgaga	tagtccagg	ctttccagcg	420	
cccagcttgg	atgataatcc	tcgtgtcccc	cactctaagg	cctccttgag	atttctttgg	480	
ggtctaccac	gtcctctgcc	tgtctccagg	tggtacagga	gatgtggttc	ctgtccctct	540	
cctgggtccc	tagggggccc	cagggccctt	ccctgtagct	ttagctgacc	ccatggtggt	600	
gggtgtgggg	tctgtgcgcg	tgctcaggta	agcttggggg	ctccaggtaa	gcggtcccga	660	15
agaacggggg	gggag					675	

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 350 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

agcagagcaa	ggttggttgc	gctcctctgg	cagaacctcg	gctctcagga	ggctccttgtt	60	
ccagggaaca	gctgcttctc	tgggggctgg	ggcttctaac	ttccctggca	gcccctcggc	120	50
actaaccag	ctggaacca	ggggaacaaa	cgccctggag	tgccaaaccc	ttcgtgtcta	180	
ttttttccag	aaaaacgggg	gcaatggctg	ttgaggagcc	catttgggaa	gaactggtgc	240	
ctctaattgg	gcaaatggat	tctgcagggg	gctgcagttg	ggcagggaaa	attccttcaa	300	
acaaggggtt	ccaccacaa	ccaggccccg	gcttcaaata	gccagaaaa		350	55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 746 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ccccccctcc  tcgggttttt  ttttttttat  ttaagaaaat  ttattttctac  ttctacagca  60
gaaatacggg  aatggtacag  gtttgggcaa  atcatacttt  atgaaatgga  tcctcatacc  120
acatcccttt  taatacaggc  acgttataac  ataattcctg  gattttcaaa  atccagccaa  180
cacggatacc  tctgctactc  tgttttggcc  ttcatagctg  cttcctcttt  cagacgagct  240
ttcttttcta  agttcaagct  tgtaaagtc  tcgtgtcttt  gggcagcctt  cttgccctca  300
ataaccatga  agatgcattc  taccaccgtc  agggcaatca  ttagatagct  gatcttcact  360
cgcatcttgt  tctttgcagc  atcaagcatt  tccaacgaga  cagtctctgg  gatttcatct  420
tcctttttga  agcgacctga  ccatatgagg  atctttttct  gccaatccgt  aggtttgtgt  480
aaaggcactc  tgttgtaagt  gcgggatgga  gtcocgggac  tttcctgtgg  ttttgtgcaa  540
aatccattta  ttctcttcaa  atcagagctt  ctggttaagc  ttagagatga  ggaaacatct  600
ctttcacata  acctaaaaca  gtttcctgct  gccaggcgca  gaccgctgag  gtcctccatg  660
gccacttgct  actccgcgca  ccagcgcgca  acttcgcggg  ggacggtggc  gctgggtgag  720
tcaatgtcac  ccagcggttg  agtggg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcacctca 60
gatggaggag tttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120
ccaagggaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180
gcccaataaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt                217

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 392 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

40

```

gcggatccgg cgttctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggcggttttt 60
cggaaggcgg ctaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctaccgtaaa120
aaacaagaat acctcaaagc tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180
tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240
gaagaagtaa cccagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300
aagggaagag ggtgcagaag ctaagaaaat cgaagactaa aatcagggcc catctgcggg360
ttgcagggga ggcaggaaaa ggttggtttt tt                392

```

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1796 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

15  cggtctgaac gtattagttg ttcttaattt ttttcccagt aaaatatgga tcttttaaga 60
    agaatttgag aagcaaacaa ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccatttcgtt 120
    tcaatattgc cacaataccc agggattaat gctgccacag gggggcaatc tttatttgct 180
    ttacttctta ccccttcctt gttctgcctc ttttaactcag ttaagttggt ctgtttggga 240
20  cctggaaaag aaccocaaaga aaacctgagt ggacagggtc atttctggaa tgcagaaaac 300
    atttttaaagg ctagattttt agaataattct caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
    ggaaattaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact ttccccctta 420
    ctaagtttaa gacttttgct atgtggtgag tcaaataaga ccattttgat tgtaaaccat 480
    aaaatagttc agcaagtagc ccacagttct ggccaaacag cagacttgct gttttcactt 540
25  ggatccttg agttgggttg ctaaccttaa tttctatgat gttttctaaa atgaaacttg 600
    ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
    gagacttgag gaaaatacag attttttggt taccttggtc ttgttttaag tcttaaaaaa 720
    ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtcccttgtaa gcttcccttg 780
    aaaatgtttt aaatattttg gaagctttta aaagacacta aattgtactc taaaagacac 840
30  taaattgtac taatttaca aaggtcaagc caattttatg aaacagtcct acagagtaat 900
    atattgtatg cagtgttaaga aggaaaatac tcatctctaa cattatggta ataacattta 960
    gctcttagag agttggaqca gggggatggg taattacaga tttgcagact atagaaaag1020
    ttccattttt ttgtgacccc acagagtctc aaatttttat ttcactacct gctagagcct1080
    actgtgaaat cactgtccca tatttgccag tggaggaaat gggcatagag tagagaatag1140
35  ctccatctct ttacacgttt gcatagacta cacacatgtc atgcgtttat ggcaggtagc1200
    tggattttat tccccaaagt aataatgttg aagtatgggt ctcatcattc ccatacacag1260
    aaacacaaaa cactttgatc ataaactttt ttcttcagaa gccaaactaa cttgcagaat1320
    aatagagcca ctggttttaat gtttccctcaa gataggtttt agtgtaagct agtattctgt1380
    gtgttcgtag aaatgattca atacctgcag ctggtgaatt aggaattgta tttgttgct1440
40  tt-tttataat agatgaggtg caaaaatttt aatgctagtc agtatgcacc accacaggaa1500
    agttagatcc cattagcact tgaaaactaca gctttggaaa cttaggctaa gttaatttgg1560
    atttgttact tgattcacct actgaccttt tcttttggtt gaagtgccta tcagcataat1620
    gagctaagtg tcatgcatat ttgtgaagaa acacctttt tgggtccctt tgggacagag1680
45  aggtactcct tgatctttat gaatgacagg ttactgtttt gccttattgc ttaacttaat1740
    gtagtgaast aaagcagaca aagcttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa tcgacg 1796

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 575 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctgaagagca gatcagagggc aggggaaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60
ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa120
ccagctatac acctgtaccc agaaatactc cccttgggga atgaaaaaag tactactgga180
gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gactcactgc agaaagtgt240
ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc300
agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac360
ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaactgca420
ggggagcaga tagcagggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaaatgag480
caccaggaa cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact540
tgggtaccca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 30

(A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA 40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

```

gaagaaaaag aggaggaaaa aggtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtgaaa 60
gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt toctcagcc tggaaaacat 120
attaatccca gtgcttttac gcccggaac aaagagacta agccagacta tgggggaaaag 180
ggagataaga aggatcctgg aactttaag agggaaagag tgagattcag aaatcgccag 240
gactggactt taaggacgt cctgtgtcag cacaaggagc tggcacacac agacacacga 300
gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga tacaagact tagaaggaca gctcctttca 360
cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaagg catcgggtca 420
gctctcagat caggacagggc tgtggatctg tggcgtact ctgaaagctg gagctgcagc 480

```

```

acaccccttt tgtattgtc accctcggt aagagagaga gggctggga gaaaagtgt 540
tcatctagga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgatttc ttctgcaacc ctctgcattc 600
catctctatg agccaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc cgttttact 660
5 atgtgtgttg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc acccccatgc cactattaga 720
ggcagccaag gaggacgga agtgcccttg gtttctccg acagcagtag gccagctcgg 780
tttctgagge acactgggag gtctcgcgga attgagagat cactctgga ggaaccaaac 840
cttcagcctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 900
ccgccagccc gctcggacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaaag accagcagcc 960
10 aggggtctc cgctgagat gatcagagat gagggtcct cagctcggtc aagaatgttg 1020
cgtttccctt cgggttcag ctctcccaac atccttgcca gctttgcagg gaagaacaga 1080
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagcctg 1140
ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgctcttc 1200
caccaggcag gtgaggaagg aggcaagggt agaaggatca ccagcgaggg ccagatcctg 1260
15 gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgatga gcttctgaa gctggagaag 1320
ggcaagtgtg gcatgtgtgt gctgaagaag acgtgcagg tggaggagcg ctatccatat 1380
cccgtaggc tggaagccat gtacgaggtc atcgaccaag gccccatccg taggatcgag 1440
aagatcaggc agaaggcctt tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccaggtg 1500
gtggcggagg ggaatgacgg tggaggggga gcagggaagg caagcctggg cagcgagaag 1560
20 aagaaaggag acccaaggag agcaaaagt ccaccaacca gagagagtcg ggtgaaggtc 1620
ctgagaaaaa tggccggcac tgcaccagt ttgccccaac ctccctcaac cccagagccc 1680
accacccctt ctctgcccc agccacaaca gtgactcggg ccacgtcccg ggcggtaaca 1740
gttgetgcaa gacctatgac caccactgcc tttccacca cgcagaggcc ctggaccccc 1800
tcacccctcc acaggcccc tacaaccact gaggtgatca ctgccaggag accctcagtt 1860
25 tcagagaatc ttaccctcc atcccggaag gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc 1920
aggaggcccc caaggccac cagcttgga agcttcacaa atgccctcc caccaccatc 1980
tcagaaccca gcacaagggc tgcggggcga ggcggttcc gggacaaccg catggacagg 2040
cgggaacatg gccaccgaga ccaaatgtg gtgccaggtc ctccaagcc agcaaaggag 2100
aaaocctcca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat 2160
30 gacctcagcc ggctactgc ctctcagctg gaggacgagc tgcagggtgg gaatgttccc 2220
cttaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagcttg agaaaccaga gaaggagaag 2280
aaaaaaaaga tgaagaatga gaacgcagac aagttactta agagtgaata gcaaatgaag 2340
aagtctgaga aaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa 2400
acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaaacact tcacgcagag tccaagaag 2460
35 tcagtggccg acctgctggg gtcttttgaa ggcaaacgaa gactccttct gatcactgct 2520
cccaaggctg agaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aatatctgga aagtttctgc 2580
aagatggcta ccaggaaaa ctctgtgac accatcttcg gccctgtcaa caacagcacc 2640
atgaaaatcg accactttca gctagataat gagaagccca tgcgagtggg ggatgatgaa 2700
gacttggtag accagcgtct catcagcgag ctgaggaaag agtacggaat gacctacaat 2760
40 gacttcttca tgggtgctaac agatgtggat ctgagagtea agcaatacta tgaggtacca 2820
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgatc gatactttcc agtcccgaat caaagatatg 2880
gagaaccaga agaggggggt ttttttgaa gggggaaaaa cgcccc 2927

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat ggttggtgggt gtgtggggtt ttttgagggtg ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttcctgtatc120
gatctgcaga caccagaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggattcg180
agacctccaa catacttgtc tgaagctcgt gccgctggcc atggccctc tgccaagcct240
gtgtgcatg cccttggtgc tttagtgcga gaagcctagg ctcaagaagca cagcagcgcc300
atctttccgt ttcagggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactat1360
acctacgtat aaagt111tag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cacttttaaa420
tttgcacttt atttttttcc ttccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgtt480
agagctgggt agagaggagt caggcgccct tcccaccgat ggtcctggcc tccacctgcc540
ctctcttccc tgctgatca ccgctttcca atttgccctt cagagaactt aagtcaggga600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttatttatt tcattatgtt ggccaacaga660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaag720
tagggagggt aagaaaaagg gcg

```

10

15

20

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1667 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

agagccaata gcatgggggt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
gagctccttc tctgtgccag acactgttct ggaagatagc tagatgaaaa tctttgcact 120
cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
tgggtgttga ggttttttaa gtgtgggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttga 300
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
taagaatgta aacctggagt ctcat111aag aatgatcagc aatacg111ta gaacatatga 420
actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatatgat tatacataaa 480
gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
tactggacct aactttatca ttaattagggt aatattttcc tcatttcttt actgctgcca 600

```

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

```

ttttcctcac cagtattcca gagatgggtca tagctcatta ctctaccacc aaggaacctaa 660
aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgaagagc tttaaattgt tctcctcgtg 720
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780
ccttctagtgt gtttgaaaaat gtaaaacat ccctaaaatc taaatcatat aatcagaatt 840
ctatagtgtc ccactctatc tgtaaagatc atttggaaga ctttagactc tattaatttt 900
aaaaggaata tttattagcc atatgcagaa tttctaataga tgatattgta cagcttctaa 960
ttcacttttc agatcagtgt ttgaaatggc aattatcagt gttggattta gttccaacta1020
cttgattttac aaaaatgtac atttagagaa gggttaaaga aacagtgaga aatgtaaaca1080
ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt ggggaataatt atcagagaca tgcaactgaal140
aatgtctcac ctttcatctt tttttcttaa ttcataaagt tatcttgtag aatttgatga1200
gacctccta gtcattctca actggggcgg tgctgtcacc gaatgggtgt tgagagtgtt1260
ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactggggg gccatttgct gccagtgcc1320
aggaatagta acattatgaa tgccagggac agtgtgtctc gtaaagtctt ccatccaaaal380
ggggcagggc acgggtgtc acgctgtaa tcccagcact ttgggaggcc aagggtggcg1440
gatcacctga tgtcaggggt tcgagaccag cctggccaac atggtgaaac cctgttgcta1500
ctaaaaatac aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaaccca gctactagg1560
aggctgaggc aggagaatca cttgaaccgg ggaggcagag gttgcagtga gctgagattg1620
caccactaca ctccagcctg gatgacagag tgagacttca tctcaaa 1667

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 249 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

cgtggtaggc acttcacag tgtttactga ttgaaacat tgttgactgt ggcttctatc 60
agagtgtcta ccttttacag ctctgacctt acctcattta atttgctgct tttaatctac120
gggggctgag aatttggtgaa accagtgttg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag180
ctctgaatgg gggacaagaa acgctcttat agcacaagaa tgcattggact tcatgacagc240
tcttttgggt
249

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare



- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

```

aatggaaggt taattaccgg ggcccacctt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatgggt ggggtgaatt tctacccaaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgcctgtt 180
taaagcactc agtagagggc tgatgaaact aatTTTTTTT cctttaagac atgactctt 240
gagtcctaca gtaactgagt gtttgtttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtctc 300
ctagccttaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360
tattagaaaa cctcattgat caattttatg tatttgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttga accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aattctttaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtgttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaaagct gatttttatg gcatacacia 600
gaatgccact ttttctttta ttcatacca ataattttaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgcacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaaata tgaaagattt 720
ttatatTTTT tcaactgggaa gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tatttaataa aagacttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgcgt 840
agtatataga acaatattcc atataaataa gtttagcctt tataaaaaatg aagtgcagg 900
ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaaacatt aaatgtaaat 960
ggtttcaaat ggtcagcgtt gtttaaatgt aatcatgtta ttttattcat tgttaatgct 1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat 1080
taaatttgta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaataa gcactaaacg ttttctttct 1140
gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa 1200
aaaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 215 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gggaagcatt ttgatatga tgcaggaaat ctcttctctg agtcaaaagt tccaagagg 60
tgctgtatgt ttaagaaatg gagtttattt aaataatagt taagcttggt cccatgttgg120
ccgggcaact tttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180
gaaataaaac taggaaatgg agaggggggg agaga 215

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gctgccgggg gectgggggt cggcgctcgg ccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggccgagc tgggagtcgg gtgcgcattg cgggcgggtga acgagcgcgt gcagcaggct120
gtggcgcggc ggccgcggga tctcccagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaaa180
accaaacctg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg ggcagcgcac ttttggcgag240
aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatccca aaattctgtc tttgtgtcct300
gagatcaaat ggcacttcat tggccacctc cagaaacaaa atgtcaacaa attgatggct360
gtccccaatc tcttcattgt ggaaacagtg gattctgtga agttggcaga caaagtgaac420
agttcctggc agagaaaagg ttctcctgaa aggttaaagg ttatggtcca gattaacacc480
agcggagaag agagtaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac540
ataaacgcca agtgtcctaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgct cccggaagag660
actgtggtta aaagctgaac atccctgctg aacaggttga gctgatcatg ggcattgtccg720
tctgtaaact gcaa 734

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 314 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

30

```

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagagct agaccagcac tggccctcc agccccctgg tagcctctgc120
tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcatgtatgc gccctgaagg180
ttctgcctct ctgttttga atcgcatcc cctcctcatg tttggggacc tgcaagggtg240
tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat tttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300
aaagggatga cttt                                     314

```

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1839 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

60

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

gcgggacgagg gcggagcaac agagcggccg ggagtaaggc ggagtgaagag gaggagcttg 60
atggaagcgt gcgagaagg gcgtaactga tttggaaacc agaggaaagg cgctgttttc 120
accgaattag aatcgcgagg aaatagagaa gagtttgttt gaaggctctg cgagatcgag 180
tgagtacggc tcgccaagtt ggagcgtct cgcgatagac acagcaacta ttcagctgcg 240
aggggacggg agaggtggtg agcactctcg cgagatttga aggagcggcg gaggccagag 300
ggaggagagg accggaagtc cttcatctca agcatccaat gctgaaacgg gcctgatttt 360
ctctaccgga agcccttttc cagaggctgg gaacacggcc cactagcag gaagtccac 420
ctccttgagc tccgccaccc tcccgaagt tttctgtca cctgtgttag gctccgtccc 480
ctttccgctg tttatccccg taccagaaaa ggatacattt agtgccctcc acccagctcc 540
actaaacggc cttcccgtt cctgtgtgtg tggccgctgt gctgtgggga gcggccccga 600
cccgggggct cattcgagcg acctcggacc acaatgccag catggacttt gcagaccttc 660
cagctctgtt tggggctacc ttgagccagg agggcctcca ggggttctt gtggaggtc 720
accagacaa tgcctgcagc ccattgccc caccacccc agcccgggtc aatgggtcag 780
tctttattgc gctgcttca agattcgact gcaactttga cctcaaggtc ctaaatgccc 840
agaaggctgg atatggtgcc gctgtagtac acaatgtgaa ttccaatgaa cttctgaaca 900
tgggtgtgaa tagtgaggaa atccagcagc agatctggat ccgctctgta tttattgggg 960
agagaagctc cgagtacctg cgtgccctct ttgtctacga gaagggggct cgggtgcttc 1020
tgggttcaga caataccttc ccttgggct attacctcat ccctttcaca gggattgtgg 1080
gactgctgtt tttggccatg ggagcagtaa tgatagctcg ttgtatccag caccggaaac 1140
ggctccagcg gaatcgactt accaaagagc aactgaaaca gattccata catgactatc 1200
agaagggaga ccagtatgat gtctgtgcca ttgacctgga tgaatatgag gatggggaca 1260
agctgcgggt actcccctgt gctcatgctt accacagccg ctgctgggac ccctggctca 1320
ctcagacccg gaagacctgc ccattttgca agcagcctgt tcatcggggg cctggggacg 1380
aagaccaaga ggaagaaact caagggcaag agggagggtg tgaaggggag ccaagggacc 1440
accctgcctc agaaaggacc ccacttttgg gttctagccc cactcttccc acctcctttg 1500
gttccttagc ccagctccc cttgtttttc ctgggccttc aacagatccc cactgtccc 1560
ctccctcttc cctgtttatc ctggtctaata aacccccac acatacacct ctggtgacct 1620
atttgcacag accgtcgtct tccctccagt cttctgaggg ataggggaca ttccatccca 1680
agcttctccc ttaccacac ctatcctttt gaggggcttt ggggtggggc tggggcaagc 1740
agagggactg ggtcttcaact tcttgggcta ataaaattgt ttctttgtgg actaaaaaaa 1800
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1839

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cagccgcgcg ccatccctct ttgtgtgctt tggaaagccg cggagctggt ggtggctaca 60  
 gttggtgttg ggggcttagg cgagggaagt taccgggaag ttgcaggcgg gaggactctt 120  
 ccccatccag tcacctgaca ggtcacaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180  
 ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240  
 gaaaggaaaa aaaaagaac agaccagaag aaggaagctg ttgtcctgt gcaagaagaa 300  
 tcagatcttg aaaaaaaaa gagagaagct gaagcattgc ttcaaagcat ggggctaact 360  
 ccagaatccc ccattgtccc tctcctatg tctccatcct ccaaactctg gagcactcca 420  
 agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggccgcgtgg gatctagacg aggacctatt 480  
 aaacttgga tggctaaaat cacgcaagtc gactttctc ctcgagaaat tgtcacgtat 540  
 acaaggaaaa ctcagactcc agttatggct caacccaaag aagatgaaga ggaagatgat 600  
 gatgtagtgg ctctaaacc acctattgaa cctgaagaag agaaaacttt aaagaaagat 660  
 gaggaataag atagttaaag tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720  
 ttgactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780  
 cttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagatttgga agacaaagaa 840  
 ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaactgac aattttttga cgaacgttgg 900  
 tcaaagcaco ggggtggttag ttgtttggt tggatcatct agtatccgga gttactcgtg 960  
 gcttctata acaacaatga agatgcccc catgagcctg atggtgtggc ccttgatgg1020  
 aatatgaaat acaaaaaaac taccacagag tatgtgtttc actgccagtc agctgtgatg1080  
 tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat cttgttgttg gtggtacata ttcaggccaal140  
 attgtgcttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag tgcaaagaac tccactgtca1200  
 gcagctgcac acacacaccc tgtatatgtt gtaaatgttg ttggaacaca aaatgctcac1260  
 aatctgatta gcatctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc1320  
 catccacagg atagatgga gtgtgttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct1380  
 atgtccttcc ctgttggaga tgtcaacaac ttgttgttg ggagtgaaga aggttctgtg1440  
 tacacagcat gccgccatgg cagcaaagct ggaatcagtg agatgtttga ggggcatcaa1500  
 ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttggag cagtagactt ctcacatctt1560  
 tttgtcactt catcgtttga ctggacagta aagctttgga caactaagaa taacaagcct1620  
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtggtc acctaccac1680  
 ccagccctgt ttgctgtgt ggatggcatg gggagattgg atttggaa tctcaataat1740  
 gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggtg atcctgctct taatcgtgtg1800  
 agatggaccc attctggaag gggaggtggg tgtggcggga ttctgaagga caagttttgt1860  
 ttttttgcga tgttgggagg agcagtttgt tggcccccc aatgatggat tggcgacggt1920  
 tggccccgacc c 1931

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 294 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

agttaccatt gccttttctg tctcgtgccg gttttggttt gctgaaacta gtccaaaaca 60
ggaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120
atthagggaa agatagaact agaaaggctt ttctattataa ttccatgttg aacaattgag180
tcatagcttc ttatcttggg ggaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaaa240
acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgccacat ctctaggaca ttaa 294

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

tttttttttc tcattaacaa agcagtcaat tccctttatt tttaaaattt tatgtacaca 60
tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaagct ttatatattt gatagtgtat120
agaacatttc acaattacac tcatctttta cataacatct tgacatccat ttttaaattt180
ttttgcacaa gtccttttct attcaatttg gtaaagccag ttatacatat taatgtgtac240
tgtgagcttt cagaaggtta atgattgagg atgccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300
aatagtcttg gatggtgggg ggaggatggc cagcgagact tgatgcagga gaggggaaata360
ttctttcctg gggaaaagtg acttagccca atttttgttg actgtagctc aaccctacag420
tcatgctagt tcaaaaaaaaa aattacaaaa actaggaaga aagttttgtc tttttgattc480
acagttttgt aaacagatat aaaggaacaa atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaaa540
ttcttggtga cccacttatg ttgatccaca gagtgccttc ttataatgtg atacaattag600
gatcactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
accaggagaa aggagtaag agtttgcttc aacgtatcag ctggagggaat gtggacttg720
cactggcctt tcagcgttta ttgtctctcg tgaatatttc aagtctgata gccaaaggtcg780
cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgatgtaga tgtactgcgg840
taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca 882

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

30

```

ctttttccta gtgttatgga aagcaaatat acaatgattt taagtaggct tctggaatag 60
aaacagtggt ttgaagacc cactgccacc ttgatggact ggcccccttg agtctgaatc120
cccgggcggt gtgacctggg acccaaccgg tagctgggcc aactccagtg aattcacc 179

```

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 238 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

65

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat gtgttacggg ggtcaaaaagt tcccaagagg 60  
 tcctgtatatt ttaagaaatg gaattttattt aaataatatt taaagcttgt gcccatgttg120  
 ggccgggcaac ttttttcaat ggtgcttatt aggagaagtt ttttcatctt gtcatttaag180  
 5 gaaataaaag tggaaattga atatgggtgg catgttgtac ccgttttagtc tcttatgt 238

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 934 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctcgcgcggg acacagggag cagcgagcac gcgtttcccg caacccgata ccatcggaca 60  
 ggattttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgtatt tagatgaaag120  
 agctattgaa gcttttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180  
 taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa240  
 gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga300  
 tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg360  
 acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt420  
 45 tggcactgag atattttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc480  
 attattttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg540  
 tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt600  
 taaactgtat aataatcatg aaattcgctt tggaaaacat attggtgtct gcactcagtt660  
 50 tgccaacaat aggtttttttg tgggctctat tccctaagagt aaaaccaagg aacagattct720  
 tgaagaattt agcaaagtaa cagaggggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga780  
 tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840  
 ccaggcaagg cgtagggttaa ttgagtggta aagtcaaggc ctggggggaa tgttggaaact900  
 gtttgaattg ggggtgttcc gcttaggaag gttc 934

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel



# DE 198 18 620 A 1

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60
gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccgag tggttaaagg ttggggggat atggagatgg120
atgagaggga gctgtctggg aaggctttgc ttcacttgga ttagagtagg gttgcgtgag180
gaaatagggtg tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaaa c 231
```

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
aggaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggaatc ccaaaccct gaacatttgg 60
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagcctac tggccttcca ccagagacaa120
cccatattatg atttgccctgt tctgtgaaga gtgcggattc ctttcctatc aactgcctga180
tatcatcttc aggaagcaag tcccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240
ttaaattgga agcattctta attatgcac taaatttaaa agaagataat ttcaaaacag300
```

60

65

# DE 198 18 620 A 1

tgcctttctttt cccttggttt catcattttc atatcttaaa ccaaat+act tccgtatctg360  
 acaacagcat catctacctc agtcattagg atctcttaast aaaaaagnga ttgtattttt420  
 gacttggtta ttaagattat taaaattagg ccttcctttg aaatatgaca tcagctttgc480  
 5 tgttctaaat ttaaaattag ttgcttcacg agtaccacac ttccagtttc tataccaagc540  
 cagtctctc agttttccca ttagaatgga caggttctgt tcagcgtgtc atttctgtaa600  
 tgcttcatgc agagagtttg gtcatagtat taaagagaaa atacagtga gtcacaatgt660  
 ctccagagc 669

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 240 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

cgatcacgtt ttcacatgat gctcacgctc agggcgcttc aattatccct cccacaaaag 60  
 ataggtggcg cgtgtttcag ggtctctcgt ctctctccta cagaaaagaa aaagaaaaaa120  
 atgtcattag aagaggcgta acacgtcagt ccgtcccag gtttgtgtt cctggagtgg180  
 45 ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtcctgcctc ccgacactct240

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 228 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

10

```

agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
cagctataca actctaccca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag 228

```

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1229 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggccctagtag tagataatat 60
atggcccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaagc cattttgtta accacactag 120
tgagattttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
atatattgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac cctatttcc 240
tataaggata tccagagaag ccaaactggt ctgtgggttt gggaatggtc atttcccggt 300
aaaatgcac tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gccctgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420
ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
acgggtagggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gattattaca gattggtaga 540
atcggtgaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
tgtgtgtgca agtgtgcagg ttcttttcta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
tcataattttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
caagaacaca tgaaattctt ttaacaccag attagtgtgt taccocaaat gaacggttct 780
agccctctat taagaaataa agggaccata agcatttttg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
ctacttacaa gagtcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
caatgttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctcagggatc 960

```

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

tgtgttgact ctggcattta gtggctttgt gaaggaaaga aaacattaaa tgaactgaca1020  
 aaaactgact catgtcttta aagtagttga agcactttt aggaatgtta ctctcggtyt1080  
 cttttgtcta attctaattg gctttaaagcc aagaaaacca tagtataaat cttttttgtg1140  
 5 taccctatgg ctagtgtttt aaatgggcag ttccgttgtg gataaagtat ccagtcactt1200  
 caggtttccg tggaagggtt ttattgggg 1229

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgagggaca gatggacaga atgcagaggt acatagatga gctgaggctg atccagctcc 60  
 cctgaaattc agagtgttaa ctttgtagac cctgcacaat ctcttggtgc tatctagcca120  
 ttaccccat ttttttttta aaggccatct gaaattccat ttgtcatggg gggaagcatt180  
 ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaaagt tccaagagg tcctgtattt240  
 45 ttaagaaatg gaatttatlt aaataatatt taagcttgtg cccatgttgg ccgggcaact300  
 tttttcaatg gtgcttatta gaagaagttt ttcatcttg tcattttaag aaaataaaac360  
 tggaaattga atatgggtgg catgattgta cccttttagt tctcttattt ttctactcct420  
 ctgtccctct ataactatgc catactatta gatgctggtc cactgaatgc tgagatgata480  
 tgttttttgg ggtttttttt ttttaagaaa tattttctact ggttttctgt gactctctaa540  
 50 acacttcac gaaactagga agactgaatt atgagggaaa ctatttgga ttagtgcca600  
 gaaacgatga aatcttatag atcttttgac agtttctctg ttttagggga gcctaggact660  
 gatatccaag tttcttccat atccaagctt cattggggga ccccatattg gctttaaacag720  
 gtgaccggc cctctttacc gggttccag 750

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gaggccggga gtggaaccgc ctcttttgag aaggttgcc gactcagaga cacagaaacg 60
ggtccagggg tggggagaga tgtggagtga ggaaggttt gcatttgaga aaggaagttc120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttggcc180
tcctaataat gggagggtcag ggccagggtc tcgggcatag ggagagggtc c 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
tttggcatca tttaacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
ggtatttggg attctaattg ttaacccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
aaccatttta gccttttact tatactcgtt agaattccag tgatcatcct aataaggat 180
atttcagaat aatttttttt tcttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcct 240
taggagcagt gtgaaatttc cgttaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgcta agtccctaag 360
agattacatg ctagggttgg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
```

# DE 198 18 620 A 1

```

cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttggca cggacagtgt gaccaagata 480
tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcc cttctcttct taugctcag 540
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgcctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
5 aaaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccateaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
10 ctgcagtcctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttggagta1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140
tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa1200
15 aaacaattag ctggacctgg tggcgacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
aaaagtggaa ccctatcaca                                     1340

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

```

gccagatttc cgggggttttg cgggcccgc gatgttttcc agaggtttcc aagtgggaag 60
aggagagcga caaggtgaaa atgccccgtg cgggggcgtc cagcggagtc ctgccagctg120
tccggcggtg ggggtggact ctgatttatg aaggtgcca tccacctatc tgagtacctg180
acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagt gttctt 226

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 611 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcggcct cccagggccc cgcgcgtgcc gcagtcattg ctgctgatgg120
ggtggacgaa cgctcgcctc tgetgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagccccag agcggagtc caccctccata tacagccatt240
gccagtcag acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgcca atcactaatc300
aatttgatg gcaagcttca ccagcatgtg gtttaagtga cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa acccccacaac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atgtgtaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccaagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttgcc cagtaatgct ttttctgaa ggaacaacca gtcagcctg cattgcccac540
tcccaccag aagggtacaa gggtcgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tgggatggga c 611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
gccgaccgga cgcagggggc tggcgggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
```

# DE 198 18 620 A 1

```

tggggcgccg gtagctgttg ctgttggggg acccctcat tcccgccgt gccgtccctg120
ctgcctcatg gcggccatcg gagttcacct gggctgcac ccagcctgtg tggcgtctat190
taaggatggc cgggctgggt tggttgcaaa tgatgccggg gaccgagtta ctccagctgt240
5 tgttgcttac tcagaaaatg aagagattgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
aaatatttca aatacagtaa tgaaagtaa gcagatcctg ggcagaagct ccagtgatcc360
acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgttttagt attgaaaaaa atgggaaatt420
acgatatgaa atagatactg gagaagaaac aaaatttgtt aaccagaag atgttgccag480
actgatattt agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaatga540
10 tgtagtattt actgtcccgt ttgattttgg agaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
agctagagct gctggattta atgttttggc attaatcac gaaccgtctg cagctcttct660
tgcttatgga gttggacaag actccccta 689

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

agaaaatgga cgctgacatc aatgtcacia aagcggatgt tgaaaaggcc cgacaacaag 60
ctcaaatacg tcaccaaattg gcagaggaca gcaaagcaga ttactcatcc attctccaga120
aattcaacca tgagcagcat gaattattacc atactcacat cccaacatc ttccagaaaa180
tacaagagag cggaggaaag gaggattgtg agaattggag agtccatgaa gacatatgca240
gaggttgatc ggcagggtgat cccaatcatt gggaagtgcc tggatggaat agtaaaagca300
gccgaatcaa ttgatcagaa aatgatttca cagctggtta tagaagctta taaatcaggg360
tttgagcctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcactgtg420
tcagataaca gcctttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtggc480
55 aaatccaaag gaaagttatg gcggttcac aaaaaaata agcttatgtc cttttaacg540
gggggcccac tcagcttcag 560

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctgggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
agatggggac agtgatacca ccagcaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgtttata gatccttttg180
ttgctgagag agtggaaacat aggtcctaga caggggtgaag agttctggca catttttagct240
gctactttga gacctcgggtg atgttacctg gtgtgggtcat cccatcttgt cctgttttaa300
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gagtttatcc caatgacttc tctgtttgag360
ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
aacatcgtag tcctagtgttg cattttttaaa atcccctctg tttaaaagggt ttgtaaaaca480
aaaacaaaaa actaagtctg ctcaagtgaaa tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag ttttgtccat gctgggtgtct600
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
tttgcacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcacctaaa tccatctgac tacttgttcc720
tgtgccctct tgttttaggc ctggtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
gaagaatggt gtaattttta cttattaaag tcaacttggt aagttttaaa aaaaaaaaaa840
aaaaaaaaaa a                                     851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

```

5      cttaccaaca gcctttctgc taagtctctgt tttttggata tttatgactt ggttcatctt 60
      attttttcct gatttagcag gagccctttt ctatttcagt ttcatcttca gcatagtagc 120
10     cttttctatac tttttctata agacttgggc aactgatcca ggcttacta aggttctga 180
      agaagaaaag aaagtgaata tcatcacctt tgcagaaact ggctctctgg acttcagaac 240
      attttgtaca tcatgtctta taaggaagcc attaaggta ctccactgcc atgtatgcaa 300
      ctgctgtgtg gctcgatatg atcaacactg cctgtggact ggacgggtga taggttttgg 360
15     caaccatcac tattacatat tcttcttgtt tttcctttcc atgggtatgt gctggattat 420
      atatggatct ttcattctat tgtccagtc tttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480
      atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg ttccccttgg gttttatata tcttgatgct 540
      agcaactttc cattttctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600
      ctttctgggc ctgacctccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
20     acagacgttg tccctcagga agacaccata caatcttggg ttcattgcaga acctggcaga 720
      tttctttcag tgtggctgct ttggcttggg gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
      gtacaccatg gtctttcacc cagccaggga gaaggttctt cgctcagtat gaagaaaagc 840
      aacccaaaaa tctcaatctg atttgttttt gtttatgtcg atgccctgta gtttgaaagt 900
      gaagtaaaaga tttagaattc acctaagtc aaaggaaaac acgtgggttt taaagccatt 960
25     aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatta caatttttta ggtttagaaa gatggacttt1020
      tctgataaat cttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat ttttcacaag aaaatgcaag1080
      ttactttttt tggaaataat actcactgat tatggataaa atggaatatt ttcagatact1140
      atattggctg tttcaaaata gtactattct ttaaaactgt aatttttgc agttatttg1200
      tctttgttgt atctataaat atgtaaaaaa tatttaataa gatgtacctg ttttgctttc1260
30     acacttaata aaaaattttt ttttgtaaaa ggaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag1320
      aaaggagagg ggaagaaaga ggagaaggca agga
      1354

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

65     cgtgatctct cctcagtaaa accaaggtgc atttttctgg acccacctat cttgggggtg 60
      attaggagta gaggggttga aatacttaaa atttttttcc tttctgatat aattattgat120
      ctccttctag aagtcctgtc gtcttfgctg gagaattttt atttaagcat cctttttag180
      aagaatctct aatgtccttt tttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt240
      ctacacagtt cctttatcca gttttccc
      268

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 752 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

30

```

tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60
tattttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg tttaagagaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaatt ctccaaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aaatgaggat cataactctc agtttattga tgattattca tcctcagatg agagtttatc300
cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360
tagtttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420
accaatgaaa tgttcaaattg aggaaagtgg ttaatacaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcgtt caggaagtgg cttatattca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag ttctaagaca tataaagaaa660
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaatcctg ta 752

```

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

60

65

# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gaactccaag ttagtggatt gcagaatgga aacttggcctt ttgcggcact gggtagagttt 60
tagtttgtgt gtgtcttgct ggggggtggg gatgattgtc tcagcactca cgcactgcac 120
aagaaggcag caggatacag cactgcacaa gatggcagct cctctgcagc ttctctctca 180
gcctccctcc ttgcaccccc acagggttgg cttgtgggtt ttgtcatcag taacctactg 240
cctgagatca tgatctctta aaagatgaga ctctcggaag ggttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcacctcttg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaaggagt 360
ttagtqttac taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagacctga 420
ctgaggaagt tagctgcggg ctgccctgtg ggctgggtgt tcaggaggaa tccagagaag 480
tgttcagatg ccccccttgg gctcctttct aattttaatc agctctttaa atagctgccc 540
atctcctgtg attgcacaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcagatgtt 600
aaaaatggaat ccaaaagacca cctagggcgg ggctgggtgg gagatgggag ggccaactgc 660
gagctgctcc acttctcagc tctcccttgc cctgcagccc tgggccagac aaggccagaa 720
ggtttcaggg gcatttgaca tcccctcttg gttctcacca ggaaaacatc caaagctttg 780
gaggaaacag gccctgcccc tggctcctta aatgcccggt ctctttgtaa actgatattc 840
agccagcaat gcctaagact ttgttaagat catttctact gcttttcttt ctgcttcaaa 900
cacacagttc gtctctgagg aaagttaaata aaatggaata agagtaaatt gggttaaggag 960
atatacaaaag ctaccacagc ccttgaccca gcacagttgg ccgacccgtg tcaactccctg1020
gctgtcgttg cttctctgtg ctactgaag ggtgagccag gccagtgttt cccagcccc1080
tgggcctggt cactacacag tggaaaacag acaagcgcc ccttcccaa atcccaagag1140
tgtcttgctg cttggtgggt gctcatcgca atgttctgaa ggctccaggg ccactttgtt1200
tgtaagtatg atctgggcct caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaata1260
tcgggttctc tattatgtaa acactattac agtcaccagt gtgtgaagac tcttgagtct1320
ggctctcata tcagagtcac catttttctt cctgtggaat aaaatgcctt gtggacttcc1380
caaaaaaa
1389

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

# DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

cgtatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgttagg gccacgcctg cggcgctgct 60
gggtgaggct gtgtgggtgg gggacgggcc gaggcgatgg cggagaagtt tgaccacctal20
gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgcac180
ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt taactggctta240
caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagttttt300
gaatatatag atcaagggtcg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggt360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
ttgattcaag aactttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
ggggaggatc acccgcttc ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
tgcatgccc cgtgaggtcg ggactgcgag tgctgacgcc accttccctgc tgagggtggga600
ctgggcccctg gacacacccc tcagcccctc tgtcctcatt gtttggcctc atgggaccga660
ggggctggag gagaggcgga gtgtgcccga gggttcaaga gggtgtttgg ggtgaaatgg720
gtttgt
726

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

ggctgagaaa aatgggggga gacataacac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggc ctggagcatc agtgtgagg agttcaggta180
ggctgggcct gtgctcttag gtaggacaa gggaggctgg gtgaccagg ctggtgctta240
aaaccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtctt cttctgtgct300
gctgtgtttg atctcatctc acctggattc aaagggttaag gtgggcatgg gtcttgggcc360
tgacacccac caaggatgac ctgtggactg ccatcgatg ctgaacagg agatgaaagg420
aggtectctt accatacccc tctgccaacc cccagtagg ccactgttct gactttgttt480
ccagaatata cagaaatcca aaggggctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcagc540
acctacctgt tgtcccaagg catacaaagg aggcctcaac gctcatgctt ctctaataa600
gccctaccaa gacagacaga aaaggaaggg gtagaaggag aggttgagc tjtggagtta660
gactctgctt cattcctgaa g
681

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

gggccacact gagcagattc tttggtagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtctttttg ctcaattgaa ggggaatgga 120
atggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtctttgta gataccaaga 180
agttgcctat aatcaagaag aaagtgagga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
gcagcctttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
aagcaaagca caggcttgaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaaag aaggagaagg 360
aaattcagtg ggagacaagg ttatttcatg aagatggaga atgctgggtt tatgatgaac 420
cattactgaa acgtcttggg gctgccaaagc attaggttgg aagatgcaa gtttatacct 480
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaaacaatc ttcctttggg agaaacctgt 540
tcattccaat cttctaatta cagtgggttc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaacaat taaggggaaa agcttccctt ttccctctgt ggcagttacg attttgactt 660
cagtcctgag aaaaacttca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct tttccaaaca 720
ccacacgttg aaagcattta taaatccaag tctgaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatacaca acttgtttct tagttcatat aatctcgggg acacacatac gtatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
taaatatggg ttcctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960
taggaaattt catggtctta cctacaataa cttttatittt ggaattgaac tattattaaa1020
ttgtatctaa tcctggaata cagtttaatt aattattctt agtgcttaag gcttcataaa1080
gtaatttttc caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	5
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	10
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	15
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64	20
aacagttggg aggttcttag ctcttttttag ggtcttaaca aagggttttg ttttagtttt 60 agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120 ggccagacca tctctggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccata180 ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccggtg aaactt 226	25
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:	30
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 806 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	35
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	40
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	45
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	50
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65	
tccaagggct ctttagtcct tcttaagccc cacagtactt tccgtagtc ctgaggett 60 ggacctcttg gggttcttac ctccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggctta120 ggaatttgtc tgtgggagtt tattcatctg tctctcctat ttacctctcc caaaccagga180 tttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240	60
	65

# DE 198 18 620 A 1

```

tcattctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggctccc agactgatat tcagactgac300
aatgatttga caaaggaaat gtatgaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360
gacttttccc aggaaacaga cttttcagaa gcctctcttc tagagaaaca acaggaagtc420
5 cactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480
gagacaagcc ccgtggagga gtgttttttt agtcaaagtt caaactcata tcagtgtcat540
accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaaatccat cagctttgat600
acaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa660
ttagtagagc ctttttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720
10 ggaaaagcct tatcagtgtt cggagtgtgg caaagctttc agcattaatg agaaattaat780
ttggcatcag agacttcaca gtggggg
806

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 241 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

ggtggaattt ttttgggccc agtatttggg gggatgatagg ggtagagggt tgtaaatact 60
taaaattttt ttcttttctg gtataattat tgatctcctt ctagaagtcc tgcgtctttt120
gctggagaat ttttatttaa gcatccgttt gtagaagaat ctctaagtgc cgtttttcat180
ccagatctac aattgatgaa tcctaaaggt atttctacaa agttccgtta ttcagtttttc240
c
241

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 266 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

15

```
gcggatccgg cgttctgcac tgatcttttc caaggggtgta cagagatggc ggccgggtttt 60
cggaaggcgg gtaagtcocg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120
aaaacaaggt acctcaaagg tggtcggag aaggggtgtg aaaaaaatcc agtgagttct180
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtggggtaca aattat 226
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 151 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

50

```
gggtgctggg agccactgaa ccaaccggag acccgggtgt cccactgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tggteccctc agccccctgg tagcctgtgg120
tgcaactgaa ctggcaggtg ttgccggtgc t 151
```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

gcagccgctcg ccttcggagc gaagggtacc agcccgccag aagctcggag ctctcggggt 60
atcgaggagg caggccccgc ggcgcacggg cgagcgggcc gggagccgga gcggcggagg 120
agccggcagc agcggcgcgg cgggctccag gcgaggcggg cgacgctcct gaaaacttgc 180
gcgcgcgctc gcgccactgc gcccgagcgc atgaagatgg tcgcgccctg gacgcgggtc 240
tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat gtccgcaccg gcaccatcct gctcggcgctc 300
tggtatctga tcatcaatgc tgtggtactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg 360
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420
aacatgtgca ttgccattgc gattttctctt ctcatgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatcccatc cttctgttac cagatctttg 540
actttgccct gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatg tcagtgaatc 660
ctacctgttt ggtccttatt attcttctgt ttattagcat tatcttgact ttttaagggtt 720
acttgattag ctgtgttttg aactgctacc gatacatcaa tggtaggaac tcctctgatg 780
tcctggttta tgttaccagc aatgacacta cgggtgctgct acccccgatg gatgatgcca 840
ctgtgaatgg tgctgccaag gageccaccg caccttacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900
ggcgaggagt agggcagcag cttgactttg cagacatctg agcaatagtt ctgttatattc 960
acttttgcca tgagcctctc tgagcttgtt tgttgctgaa atgctacttt ttaaaattta1020
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
aactgtagaa ttcttcctgt acgattgggg atataacggg cttcactaac cttccctagg1140
cattgaaact tccccaaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctgggccc1200
caaagtggg catttttctc tctgttcctt ctcttttgaa aatgtaaaat aaaaccaaaa1260
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aaaccttatg gaaacaggaa1320
tgtcaattgt gtaatcattg ttctaattag gtaaatagaa gtccttatgt atgtgttaca1380
agaatttccc ccacaacatc ctttatgact gaagttcaat gacagtttgt gtttgggtgg1440
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccattagaaa gcaccaggcc gtgggagcag1500
tgaccatctg ctgactgttc ttgtggatct tgtgtccagg gacatggggg gacatgcctc1560
gtatgtgtta gagggtggaa tggatgtgtt tggcgctgca tgggatctgg tgccctctt1620
ctcctggatt cacatcccca ccaggggccc gcttttacta agtgttctgc cctagattgg1680
ttcaaggagg tcatccaact gactttatca agtggattg ggatatattt gatatacttc1740
tgctaacaa catggaaaag ggttttcttt tccttgcaag ctacatccta ctgctttgaa1800
cttccaagta tgtctagtca ccttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaa tgaggattgc1860
cttccctgta tgcgcttttt accttgacta cctgaattgc aagggatttt tatatattca1920
tatgtttaca agtcagcaac tctcctgttg gttcattatt gaatgtgctg taaattaagt1980
cgtttgcaat taaaacaagg tttgccaca tccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaatggtgg2040
cg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

# DE 198 18 620 A 1

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ggaaagggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtccctgc tctgcaacac 60  
acaggtagtc ccagtgc tag cattggctta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcagtg120  
gtgtgatctc gggtcattgg ggctccg 147

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 143 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

ggaaagggga tccaggggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtccctgc ttttcaacaa 60  
aaaggtagtc ccagtgc tag cattggctta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcaatt120  
gtgtgatctg gggtcattgg ggc 143

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

agcagagtta gccagaaatg cctcctgctg cccagcctt agagagctcc catctcaatc 60
attgagcctg aaggcttcaa gcccaagaat gcaacaagac cccagccta catttctcag 120
ctcccctgga gccagctgat cctgtaacgc tgctggaggt cagtctgagc taccaagact 180
gtccctagac aaagggtggag tccccacac tgcccaagac caaatccctc actcaacctg 240
ctgaggtgtg gatggggaaa cagaggcaaa actgaggcac ctgatgcatt cagcctgctg 300
tgcagcagtg ccattgactg ccctgatgtt cagagagaaa cgcacacaag gtttgcccat 360
gagaattggg gaggcagatg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420
caggaagccc tgtgctctg gaggccactt gtggttcatt cttttcccat atccttggct 480
tttagaaatg gttaccttca ggacagtgc gctgcattta tcagagcact attgctaagt 540
tttcttttct ggcttgtgtt tttctgggac agtttagaat tgggaggcct attctcatag 600
aacaccaaaa atgatgttca gtgattcatt taacatacac caatgtactc tggctgctgg 660
ggggacaacc ataagcaaga catgccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720
aggagttcaa ggatcacaca aacggtagta accagggttg tgaatctgag tacaccctgg 780
caaggcttct cttcagactg aagcagcaat tctgccacta ccagcagcaa ccaggacgtc 840
tgttctttgt gggggccaga tcagaagaga gaggccctg tgacgcccgg gctgcttggg 900
cacaactctg tccaattcaa ggatgtttat cggcctctct tagatcctga gtgagacaaa 960
tacagaaatg acccattccc tgcccaccag aaactcagag gtgattgggg agactgacac 1020
aggaaaaatga acttaataca gagagactgt gatatgtgct aagaagggtg tgagggaggg 1080
agagatgaat tttccctgga gggatcctag aaagcattgt catattgcca tctccattag 1140
ctcactttta aacaactagg gtgctggaag aacctttgtc tgagggtagt tcatagctgg 1200
aaatacttgg aatattttcc agagtctcta aactctcacc ttccccaca gatacacatc 1260
caagctcaca aataggagta gcaattctag gtggtagggt tgtgtacgga acccctggct 1320
gtctgcatat atctcagaat taccacagga ccattgtccc aaagtctaga gtctttacag 1380
gtaggcaaaa tttgttttca atgctgtgct ctgagctgct gtcacaaata cccatcttag 1440
gatcccatca gtttcccatc ccccaccaga cagccacagt accctcactt tctccctatt 1500
gttctttcaa atcctgttct caggaaagaa actgccacta attcattcac actaagggtg 1560
aaatgattga taataggaat gagttacctc ttcccacaga catttgtttt taagtatgac 1620
agagcagggc cttaatccca agggaaaagg ttatggaact ggaggggggt agctttctgg 1680
gtagaaggag acttcctgaa tttccttaa acccagtaag agtaagacct gttgttttgg 1740
aaggctctgt ccaccatcta agagcactgt tttttttttt gttgtgtgtt ttgttacgg 1800
ctctgagggg atatagtaaa aatgcatatg cagtgcaat ttgcacggca gcatttcacc 1860

```

# DE 198 18 620 A 1

```

gattgtggac tgtattgget aatgtgtttc ctggctttta gatgcaaac attaataaca1920
ctatcttata tcatagtttt ttcaggggtg cttcttgatt agtaggggat tttgaacacc1980
tcttttaaata cagctagaaa ataaaaacaa tttgtaaagc cacatttgca tatgatgccca2040
gcctcacgca tttgtatata tccagaaatt caggtatgcc tcaccaattt gcccgctctt2100
aataaaatct tgtgttaaaa tttgcatcac gtgccttcc tatgtatgac gaaacaagaa2160
acagagattt ccaattgctc tttgtcttc agacatttag taatataaag tacctatttt2220
tatgctgaaa tgtttatata ggtttattaa tagcaagtgc aactaactgg cggcatgcct2280
tgcaacacat tttgatatat tagccatgct tccgggtaaa ggcaagcccc aaactcctta2340
tcttttgag tctctctggg atcagtaaaa gaaaaaaaa ataagtgtgt taagaagtgg2400
gactgtaaat atgtatattt aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat2460
aattttaaaa atttgaatgg aagggggtaa aggaggtcat gaagtttttt tgcattttta2520
tttaaataaa ggaattccaa ataactcacc tacagatttt tagcacaaaa atagccattg2580
taaagtgtta aaatttacga taagtattct attggggagg aaaggtaact ctgatctcag2640
ttacagtttt ttttctctt ttaatttcat tattttgggt ttttgggttt tgcagtccta2700
tttatctgca gtgcatttaa gtctattgc tagaatagg tactacaaaa aaggttatat2760
tctgaaagaa aaataactga cattatatat aaccaattaa ttaaagtat tgcattttaa2820
attacacact gagagcatgt cctatgcaga catagatttt tctgttcatt ttttttctt2880
cattgcagt gattgatttg ataaatagat gtgttgaatt actacatttg ctgtacatat2940
tatttaataa actttattca gaattgogtg gcaaaaaaaaa 2980

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 227 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

cagcattgct ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggt ccattttgca 60
ggtcatatcc tgatcctagg aaatgtcctt ttcccatagt tgctcctatgc ctttgggggt120
tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcattgggtt gagagtcagg agagcattgg180
ttttggagct ttaatccctt tctggttgaa ataagggtgt caacttg 227

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

```
ctcgtgcggg tttgggtttg gtgaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60
agccaaagag tgtcatgtga gttacaggaa gtagagccca tttagggaaa ggtagaacta120
gagagggttt tcaggatagt tccatgttga gcagttgagt catagcttct gatcttggag180
gaaggacaca cttcaaaggg gcagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataatttact240
atggggg                                     246
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 773 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
cggaagtgtg aaggttcctg cctctcctcg gcagggcgga acctctctgc tgggcccggg 60
ggccgcaaaa gaactttctt tctcccgccc gaacggctgc cgcgccaac tgcctcgccc120
gcctggcagc ctaaccctcc ttctcttctt ctctctcctg gcttcgcgcg gccctgctct180
```

# DE 198 18 620 A 1

```
cctctcgccc ggaggcatcc gcttgctgct gccaccgact cctcatcttc tgcccgcca210
accggcctgc cccgctgcag tgatgtgoga caaggagttc atgtgggccc tgaaaaacgg300
agacttggat gaggtgaaag actatgtggc caaggagaaa gatgtcaacc ggacactaga360
aggtggaagg aaacctcttc attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa tcctggaatt420
tctgctgctg aaaggagcag atattaatgc tccagataaa catcatatta ctctcttct480
gtctgctgtc tatgaggggtc atgtttcctg tgtgaaattg cttctgtcaa aggggtgctga540
taagactgtg aaaggccagc atggactgac cgcttttgaa gccactgaca accaggcaat600
caaagctctt ctccagtgat ggtatggatg actgataact ccggaagaat gactctcctg660
tggcctcaca ctgctgctg tctgtctgtc actctctatc tgccagcttc ttcagctaaa720
tactttaaga ggggtgaggg gagagagaaa ttcataacaa atccgactac cag 773
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 293 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```
gcaacgggcca gctgggtcag ccattcttct gttagcagat ctttgacttt gccctgaaca 60
atgttggttg caatcactgl gcttatttat ccaaacttca ttcaggaata catacgggcaal20
actgtctcta attttcccta cagagatgat gtcattgtcag tgaatctacc tgtttggggcc180
ttattarrct tctgtttatt agcattaatc ttgactttta aggggttaatt gatagctgtg240
tttgactgc taaccgtaca atcaatggtg gggactcctc tgatgtccgg ggt 293
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

```

gacccggcgt ggctactagg agaaggacgt acggctcctgc tagtagagga atatgtcgag 60
tttctctagg gcgccccagc aatgggccac ttttgctaga atatggtatc tcttagatgg120
gaaaatgcag ccacctggca aacttgctgc tatggcatct ataagacttc agggattaca180
taaacctgtg taccatgcac tgagtgactg tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240
acacattgca ttttctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggcta300
cccaggtgga ttttagacaag taacagctgc tcagcttcac ctgagggatc cagtggcaat360
tgtaaaacta gctatttatg gcatgctgcc aaaaaacctt cacagaagaa caatgatgga420
aaggttgcag ctttttccag atgagtatat tccagaagat attcttaaga atttagtaga480
ggagcttcct caaccacgaa aaatacctaa acgtctagat gagtacacac aagaagaaat540
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600
ttgcagaaaa taacagtgaa gtgattgaaa ctttcttctg atgagtttct ctaacctaca660
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag cacctgtttt atgtgccgaa tcactgtggg720
gaaaggtcag gaaggtgtag tcttcaata ggaaattgta attaaaatat aattttatag780
aaccattttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 237 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78



# DE 198 18 620 A 1

ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgagcccag cccggtcatt tacaaccggc 60  
ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt120  
gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180  
gatttcttca accccagggg tcaatgacct attcagcatg ccacaaagag ggggtggc 237

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 439 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60  
cagtcattag gatttcttaa taaaaaagag attgtatttt tgagttgggt attagattal20  
ttaaatttag ccttcccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaattal180  
gttgcttcat cagtagcaca ctccagttt ctataccaag ccagtcttct cagttttccc240  
cttaggatgg gacaagtctg ttcagggggg cattctgtaa gggttcagcag ggggtttggg300  
agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaattgggt cgggggtaaa ggtaggggac360  
aaggaggga gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420  
ccgggggggc aaggcaagg 439

40

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

gcaaaagtct tcaaaactatt gagaaagagc catagactga gtgcaggcac cagtgcgctc 60
15 ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
ttttgagtaa taacttcaag tgcaaattat gccatgcata atttctttgg tctcatgttt 180
ttccccctt ttcttttagg ctttgtcttc tgagtctata gaaaaacttc cagtttttaa 240
caagtcagcc ttcaaacatt atcagatgag ctctgaggct gatgactggc gtatcccaag 300
cagggaaacca aagaacctgg caaaagaagt ggccatgtga agaggacac tcaggacact 360
20 ttacgggatac aaagtgggtc tacaccaagt ctgcttcctg aatgtttgtg tgtgaacct 420
tgtttcctcc aaaacaaacg acagcaacga aaactcctta atcagaacac tgatccaatg 480
aggaatggag cttgtttctg tgaccaggga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
gatggccagc tccttatttt ttaatgtaga ataactcctg agtttatatc aaatcctgaa 600
gaaataagcc tcagttttcc atctgttttt gataagaata agaaagggag tgagtgtgaa 660
25 gatggtgggt agcagtttca ctaagactga tattttaggc ctcttggtca catcaaaaga 720
lattgggtgc agaataccag cattttcctg ccatgcaaag gattaaaact tagtttacac 780
tatgtggtta caaatatatg tcaatgtaca ttttgaacat atttatgtgc tatggaagga 840
aatgctgggt actaaaataa ggtttactct gaaagaggag gaattttatt caaagcattc 900
aaacatttta ttcaagtgt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagtgc cagtgaaggc 960
30 atcaacttat gtaaaaactc agaaggaagg ctctctgat aaaaacacag ctcttttatt 1020
atgctgcttt tcttggtcac tttacacact aagtaaacac ttattgtcag gtgcctagtc 1080
ttgagtgaat tgttagatgt gcaactgaact cgggatgttg gggattggag agagagaatt 1140
gccaaagtta cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataaataaa ttagtagatt 1200
ggaaaaacta gtgttaggga aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggc 1260
35 ttttctctac cctgaaatga aggtaaatca aaggcatcca ttttctaggc ttaaaagata 1320
tatttttgat atatttaatt atattctcta cactccagca ttaatatgtc tgtttaaaaa 1380
ttactaattc tcaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt 1440
ttaaqcaaat aqctggagc taagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg 1500
ttgtgactga gagataatga atgacacctg aaatgcatat ggtatttttg ggagagttaa 1560
40 ggtataattt gaaggttggc agaccagttg ggctgattac tcttagagaa gaagaaatgg 1620
aaaaatgaaa gaaggcagga aggaaagaaa ggatatagga agagaggga gcagaaggca 1680
ggcaattttc tattttcccc acaaattatt tcaaaaaaaa tctgtatttt ctgggatatt 1740
tcatggcaa gaggaagaac tgggtgtttg aaagcagtat ggattcttta aatgcctctc 1800
actctacaa gatagtaggc tttgagataa taaacttacc cgtgtcaatt aacattttaa 1860
45 ctggcatata gaaaaaaagg aggttttttc tgcattgtaa aataatcagt atgggtttata 1920
tgttgaattt qacatttgtg tgaatttca tgggtggccta gtgttgtgtg gcttctggta 1980
atggtaatag aagctcaact atttttttgt ggatttcagt tttatcatc agaagtccta 2040
gacagtgaac tttcttaatt gtgggagtc agctcatgca tttctgatta tacaaaacag 2100
tttgagtag gttatttgtc atttcagttt tttactgaaa tttgagctaa acatttttac 2160
50 atgtaaatac ttgtatttac caaagattta aatcagttga ttaatttaatt aactcaaaata 2220
ctgtgaacta tctttaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat tacaccaact 2280
gtgcaaatga actttgataa aatagaaata atctacattg gcctttgtga aatctgggga 2340
agagctttag gattctagta gatggatact gaatactcag gccacttaa tttattaatg 2400
tatacattgt gtttttgtct ttatgctatg tacagagaaa tgtgataatt ttttataata 2460
55 aatatttttt atgatgataa aag
2483

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

# DE 198 18 620 A 1

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```

aaaaaagtgg gagcagttga ttagttgatg tgtttgaacc tattgagaag gactttctat 60
tctgctacgg acttttagga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120
aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcaggcatgg180
aagttatagg gcactacatg ac                                     202

```

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

60

```

ggtggtgggg gggggggtgt tgggccaaaa gaattcggtt tctgacaaca gcatcatcta 60
cctcagtcac tagggtttct taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120
ttattaaaat tagcccttcc tttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180

```

65

# DE 198 18 620 A 1

ttagtgtgctt catcagtaacc acacttccag tttctataacc aagccagtct cctcagtttt240  
cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatg.ct gtaatgcttc atgcagagag300  
tttggtcata gtattaaaga gaaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc 353

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1039 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

cggggataac caaacacagc tgtttacggt ttctccctta acccatgctt tcataaacco 60  
cttcggacag cttccccgtc caggctttct aaccacacct accccagggg tgccgcattc 120  
ctgcactcag aagtctgcag cgggccctca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcaactg 180  
gggatcttgt taatacagct tctaactcaa tagatctggg agatcctgca tttctaacaa 240  
gctcccaggt aaggcggagg ctgctgggtg gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300  
gtgccagggt ctgatataata ttggaaatat caccocctgaa gccatcgctg gccccacact 360  
cctgtggact gatgccccag ggattccac cccacttctg caaccccagg tatccttcat 420  
tatccacccc atcccagact cccaccccag ggattgccc tgaagacttt ggccatgcaa 480  
attgtgttgg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540  
ttcttaccag tgtgaccaca ctgttacgat gcaattctag ccaaaaaaaaa actttttcct 600  
agtcttatgg aaagcaaata tacaatgatt ttcagttagc ttctggaata gaaacagtgg 660  
tttgaagacc cactgcccac ctttatggac tggccccctt gagtctgaat ccccggcctc 720  
tgtcacctga gacccaaccc ctgactgggc caactccagt gaattcacc atttttcttc 780  
ttcagaaggc ctttctgtgt tgagaccac atattttaac cttttgctcc tatccattt 840  
ttaaagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgccctctggc 900  
ttcctaaacc catcatctaa ggtgacagag cagtgtctgg aataggcatc ttcttttcaa 960  
ctttcccaaa actggccaca gataggctgg ccattgggaag ggtctttgga tttcggggga 1020  
ggcaaacgtg ggggattgt 1039

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

gaacagttgg aagcttctta tctcttttta ggtctttaac aaagaatttt gttttatttt 60
tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120
agggcagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180
agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240
aattttcagt tcatataatg ttttcaggga                270

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

agtgtattca gcaaagagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60
tgagagttaa tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt120
aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180
tatttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgagggaagt gttaatcaag ggcagtcgga240
tggatcaatg ggtaaatttt aggtggcgct aaggaggggc ttatattcac tcaaaccggg300
atgttatttg gtcgggccaa ggttgaagg                330

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```
atttaagtat_tttttagttt ttaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60
aagcaattca atcatgggtca agtttccaac tgagtcacat tgtgagtggg taatcaggaa120
aaatgaggat ccaaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tctgtgactg gatctttatc180
atccattcta aatccgattg aatattgcgg gcttacaaaa tgccaagggg gtgac 235
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 189 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

# DE 198 18 620 A 1

gggaggcttt gtgttggga gtttgggtat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60  
 ggtaatttag cttgtattta attaaaaacc cttaggccgt tacttatata tggtagaatt120  
 ccagtgatca gcctaataag gtataattca gaataatttt ttttccttc agaataactt180  
 agaatcaga 189

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35

caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60  
 ccgggcatgg tggcttgtgc ttgtagtccc acttcagtc aagtagctgg gactacaggc120  
 acgtgccaca agccagccta atgtgggtgt tttgttagag atgaggtagg gccatattgc180  
 ccaggctcgt cttgaacacc ggggtcgaag gaatctgccc atcttcgcct cccaaagttc240  
 tgagatagca ggtgtgagtc atcatgccc gcctccttga agtttactaa caattgggat300  
 aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360  
 ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggtgtct420  
 tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttccttca ctaccttct480  
 tacccttaat gtgccaagct tgaaacagga tttgatttcc tgagctactt gttcgccttc540  
 tgtgcgtcac caagtaatct ggttcattct tctctcatt catgttattt tcaagtga600  
 caagacattt tgggggtcaa gtctctttgg gtgttttgtt tttatgtata taaaaatgga660  
 ttttgtgttc cctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720  
 agaagaaatg aaagcctggg gtattgtact tcaagatgcc tccctgatgt atagaatctc780  
 cttgtaaaat aaataattgc attgtatata agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840  
 ttttagaatt tttaaatacc aactat 866

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 224 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```
agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtettaaca aaggattttg tgtgatgttt 60
agaccaggt ctataacttg ttctgtgaca ggcaaggtag taaatagata agactttgca120
ggccagacca tctctgctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccata180
gacaatatgt aaacaaatga gcaaggctgt gtgccgataa cact                224
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
ctccttgctc aacggaaaaa acatggaagg gttaagccta aacaaccctc aaacggaact 60
ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa cccacaaaaa tacagagagg aacgttttta120
acctttaggg cctgcgctct ctgcctttgg cccatcaggg tcaaagagta ggagtggaga180
aggaagggat gggacagcat cccctgggac gttcaagtac catccctggt ctccactctc240
cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctctgtctga ctctcagacc tgctgctttg300
```



# DE 198 18 620 A 1

tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccatttagtg qgatcagggt ccagtcaata360  
 ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420  
 aggtgacgga gttccctttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480  
 agggaaactcc gtcagctatg agttgggacc ctggccctag actctgtggt tctaagaact540  
 tatttgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatcccac taaatggatc ctatgccct600  
 gccaaaggttg gtagagacaa agcagcagggt ctgagagtcc agacgagggt ctctggctgg660  
 tccactctct aaggctggag aaggagacc aggatggtac ttgaacgtcc cagggatgct720  
 gtcccatccc ttcttctctc actcctactc tttgacctg atggccaaag ccagagacgc780  
 aggccctaaa ggtaaaaacg tctctctgt attctctggc ttttactccc tagtgtctct840  
 gcataa 846

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 223 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60  
 ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccaggacag120  
 gggaggggat ggggtgtggc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180  
 gttctggatc ttggttgtgg tggtagttat gcaaggctac atg 223

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15 cgaaagcgtc ggactaccgt tggtttccgc aacttcctgg attatcctcg ccaaggactt 60
   tgcaatatat ttttccgcct tttctggaag gatttcgctg ctccccgaag gtcttggacg 120
   agcgctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180
   tggggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgctggaaga 240
20 gctcgtggcg tgcgacaacg cggcgacaga gatgcagacg gtgaccgccg cgggtggagga 300
   gctttttggtg gccgctcagc gccaggatcg cctcacagtg ggggtgtacg agtcggccaa 360
   gttgatgaat gtggacccag acagcgtggt cctctgcctc ttggccattg acgaggagga 420
   ggaggatgac atcgccctgc aaatccactt cagctcatc cagtccttct gctgtgacaa 480
   cgacatcaac atcgtgcggg tgtcgggcat gcagcgctg gcgcagctcc tgggagagcc 540
25 ggccgagacc cagggcacca ccgaggcccg agacctgat tgtctcctgg tcacgaaccc 600
   tcacacggac gcctggaaga gccacggctt ggtggaggtg gccagctact gcgaagaaag 660
   ccggggcaac aaccagtggg tcacctacat ctctcttcag gaacgctgag gcccttccca 720
   gcagcagaat ctgttgagtt gctgccacaa acaaaaaata caataaatat ttgaaccccc 780
   tcccccccag cacaacccc ccaaaacaa ccaacccacg aggaccatcg ggggcagagt 840
30 cgttggagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggggag tgagcgccg caccagggc 900
   agagatccag gagctggcgg ccgccgatca gatggagaag gggggaccca ggccagcagg 960
   agacaggacc ccgaagctg aggccttggg atggagcaga agccggagtg gcggggcacg1020
   ctgccgcctt ccccatcacg gaggggtccag actgtccact cgggggtgga gtgagactga1080
   ctgcaagccc caccctcctt gagactggag ctggcgtctg catacgagag acttggttga1140
35 acttggttgg tccttgtctg caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg1200
   gctgaagttg ctctgtaccc atgaactccc agtttgcgaa ttatagagac aatctat1260
   gttacttgca cttgttattc gaaccactga gagcgagatg ggaagcatag atatctatat1320
   ttttatttct actatgaggg ccttgtaata aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5

gacctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcetta taagctgagg 60

gagtggagag gcccggggcc aggaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga 120

ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttccac cagcaaccag cgccccccag 180

cagccccag gcccgaggga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg 240

gcccattcct acctcgagg tggaggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc 300

aacaccaacc gccccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtgaccaa gctgcagaat 360

tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca 420

tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcgaggga aggaggaccc aggcagcat 480

ccaggccggc ttgccacacc ccccccctt aggacttatt cccgctgact gactctctga 540

ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct 600

gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg 660

gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa 720

aaaaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 761

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

agggaaagcta gtagcgacc ggaagtgagg caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60

taaagctgag cgacccagtg ccaactggaga cggtcagctt ctccactcag gctcctccag 120

cccagccag aagacccct cccccagaat tctgggggcc gatggaagg agccgagtca 180

gatcgcgagg taccagagc cgacagacc gagcgacagg gagttgccag aagccccgcc 240

cctaggagtg atcgaaagc ctcacccatc cgggtgaggga acccgaggga ccgcctccgg 300

gcggagcgcc gaccatggct acgcccctgg tggcggtcc cgcagctcta cgcttcgccg 360

ccgcggttag ctggcagggt gtgcgcggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420

agtttctgag atctctgcgc gctgttggcc ctggcttggg tgcgtaccgg caaccgaaac 480

gcctttgtat gggcctaaag gccaaggtgg tgggtggagct gatcctgcag ggccggcctt 540

gggccaagt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600

atcccaaggc tacaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660

agcaggtgaa gcagctgtca gaggctcctg tggatttggc ctggaagctg caggaaactg 720

65

# DE 198 18 620 A 1

```

aacaagagta tggggaaccc tttctggtg ccatggaaaa gctgcttttt gagtacttgt 780
gtcagctgga gaaagcactg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840
ggatgcagcc tggagtctct atcacctctt ctcttgctg gagacaatat ggtgtggaca 900
5 tggggtggct gcttcagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960
aacagaatcc tcttcagcaa caaagactag cactccacaa tcccttgcca aaagccaagc1020
ctggcacaca tcttcctcag ggaccatctt caaggacgca cccagaacct ctgctggcc1080
gacacttcaa tctggcccct ctaggcgcac gaagagttca gtcccaatgg gcctccacta1140
ggggaggcca taaggagcgc cccacagtca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
10 caaccaggt catatctaag cctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
tagccatggg cacaagagca gctccactg ggaagtctaa gactccatgc cagaccctgg1320
ggggaagggc tctgaaggag aaccagttg acttgctgc cacagagcaa aaggagaatt1380
gcttgagttg ctacatggac cccctgagac tatcattatt acctcctagg gccaggaagc1440
cagtgtgtcc tccgtctctg tgcagctccg tcattaccat aggggacttg gtttttagact1500
15 ctgatgagga agaaaatggc cagggggaag gaaaggaatc tctggaaaac tatcagaaga1560
caaagtttga caccttgata cccactctct gtgaatacct acccccttct ggccacgggt1620
ccatacctgt ttcttcctgt gactgtagag acagttctag acctttgtga tagaactaaa1680
atgctctctg tactctagtc tctgcctcc tcagctctgc aagtagttta gtaggaatga1740
agtggaaagtc caggcttgga ttgctaact acactgctaa aaatatttgt aatccttaat1800
20 aattaaactt tggatttggt aaaaa
1825

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

ccgggattcg cctccgggg agcgattggt cctcgggagg ggcggggagg tggacgcggg 60
55 taccggcggt cgtcgggtcg gcagcctttg gtcagttggc agcggaagc gcgctgcggt 120
tccggtggcg ccatgtcgtt ctgcagcttc ttccggggcg aggttttcca gaatacacttt 180
gaacctggcg ttacgtgtg tgccaagtgt ggctatgagc tgttctccag ccgctcgaag 240
tatgcacact cgtctccatg gccggcggtc accgagacca ttcacgcoga cagcgtggcc 300
aagcgtccgg agcacaatag atctgaagcc ttgaaggtgt cctgtggcaa gtgtggcaat 360
60 gggttgggccc acgagttcct gaacgacggc cccaagccgg ggcagtcocg attctgaata 420
ttcagcagct cgtgaaagt ttgcctaaa ggcaaaagaa cttctgcctc ccagggtcac 480
taggcgggca gccacacccc accccagacg gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540
tccaccttgg agttggaacc ctgggcgtcg agacaggaag gcagggcgca gtggttgaaa 600
catcaggaca ctcccaagge cccggtctcg aacaagacct ttctgtttct tggaaaagag 660
65 actcatttgc tgatggttca tgcttctgc tgggacagge ctgggctgtg cagccacact 720
gtcggctgac ttagccccc gtcactcta ggtgcctcca ggaggtgagc cctgggtgca 780

```

# DE 198 18 620 A 1

```

gctgggtctct gaatgacgtt acaccctcac ctttttttcc tggééctguc tctggactct 840
ccccgtgtgag gcccaattcc aagacagact ctgctectca ccgaagctta ggccccacatc 900
tcccaggctg cttaggagac agaattgaaa cggaggccgc ccctgccagc cgccttgcc 960
ctggctactg catgatccgc tctggtcaaa cccttccagg ccagccagag tggggatggt1020
ctgtgacctg ctgggaaggc aggctgatgg ggcacaccct tggcctctcg tccacgagg1080
gagaaacctg aacctgttt cacaatctgt gcggaagtag cttgcctcac ttctgcttag1140
gaaagcggtt gttgctccat aactctaacc agcacagggc tgaggcctgc agtgacacac1200
tgcaggaggc cccttcccaa ggtgtggtga ctgtgcctta ctgtacatgc tcggaggcct1260
ggccatatag gaggggtggg gatgctgaaa tccccccca tcttaagtaa ttactttctg1320
gagtaatcag gtggaaatcc atagacaaat gaaacattca gatgtaaaaa aaaa 1374

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

cttgggaagc tcttgatct ttgtcaacct gactgtgcga ttctgtatct tgggaaaaga 60
gtccttttat gacacattcc atactgtgyc tgacatgatg tatttctgcc agatgctggc 120
agttgtggaa actatcaatg cagcaattgg agtcaactag tcaccggtgc tgcccttctct 180
gatccagctt cttggaagaa attttatttt gtttatcatc tttggcacca tgggaagaaat 240
gcagaacaaa gctgtggttt tctttgtgtt ttatttgggg agtgcaattg aaattttcag 300
gtactctttc tacatgctga cgtgcattga catggattgg aagggtgctc catggcttcg 360
ttactactctg tggattccct tatatccact gggatgtttg gcggaagctg tctcagtgat 420
tcagtccatt ccaatattca atgagaccgg acgattcagt ttcacattgc catatccagt 480
gaaaatcaaa gtttagatttt ccttttttct tcagatttat cttataatga tatttttagg 540
tttatacata aattttcgtc acctttataa acagcgcaga cggcgctatg gacaaaaaaa 600
gaaaaagatc cactaaaaag aaagatttag atggcttctt gccagtttga gcctaattctg 660
attcttacag ttttaccttc ttgaaccaat gtaaaagttt ttttaattgt aaatgattaa 720
attctcagtg aggtatctt ccttttcccc agtaacattc ctgaatttac tgttatctta 780
ttgtagtact tgcattgacat ggattcctga tatctgatga gaggttcatt cttgtgtatt 840
cagttaatga caccaaaagg ctcagccac cccaacccta tctcatgttc agtctgtcta 900
atacatgcca gagatttttt tttcaaaaag tgctttatcc ctacaatgta ctgacagttc 960
ttacagttga gattgtttct tttcagctat tgctgtgtaa aaaaagcaag actatgtcac1020
tctatagaag gctgttaaaag tgactcaggc aggaattaat tattctgtac ctaaggggtt1080
acttgtttaa tgggatggca ttgacttttt gaaaatcaag tggactgagt cattgataaa1140
acatttctaa gagtggggct agagaacata ctttacctct gacatccctt ggcctaaacaal200
catctattat tatagtgtct agcagtgtgg gcattgaaga ggcgcagaat gctttgaaag1260
aaactaatca gaattcttga acatcatgat catgccattc ttaagtaaat caactatttt1320

```

# DE 198 18 620 A 1

```

caacactgaa gaaaaaatgaa acattatttta gacaaacaatg agattacaag ttccaaactc1380
agccagggaat gtgggtcaca cctgtaatcc cagcaactttg ggacacccatg gtgggagcat1440
cgcttgaagc caggagttca agaccagctt gggcaacgta gtggagaccc ctatctctac1500
5 aaaaaataaa aaaatttagct ggggtgtgatg gcacacacct gtttgtccca gctactcaag1560
aagctgagat gggaggatcc tgagctcagg aggtcaaggc tgcagtgagc cgagattgtg1620
ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccac accaaaccac1680
acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740
aagggaaacac agtatgtagg tcaaaactggc agtaacagtg tacagccttt gacaaactag1800
10 aaatattaga gtaggccaaa cacacctcca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860
tggcagcctt ccatctcctg cactggctga gtccatttac ttgtgtactt gttctagtga1920
gtggtgggac tgtacatttt tgaatagacc tcaaaaatac ttcatctgc tgctgttcag1980
ttggcttttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cgggggtgaac2040
accgctgat cctttaacaa ggatttctgg caggaaaactc acaaaaagga gaactgaaaa2100
15 tttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctctcatata ttccaagtaa2160
accaagtaaa ataagtgttg gtagtaacact tgcataaaaag aatttaagga gtgatagctc2220
tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280
ttcactgagc ccaagatgga aacttggttt gacctaaaac atctgattaa tataggctag2340
ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaag gatattttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400
20 tacttgtttg tattgatctt tgatattctt gcagctgact acgtgtaatt gggcagatca2460
gctttgcagt agattatgct gcatcctcgt ggcaaaattc tgtattctta gtgattgtta2520
caaacccctt tattgtctgc tgagaaagtg aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
caatcaaaaa aaaaagaaag aatagaagaa aaag
2615

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 508 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

gttggcagaa acccggtatc cggttcgggt gggcctccat cagcaagctc cagtgcctacg 60
tgtccctggc attttagggt tcgggtgggt aggcagtcac ggatcaggta atgcagtttg120
ttgagccaag tcggcagttt gtaaaggact ccattcggct ggttaaaaga tgcactaaac180
ctgatagaaa agaattccag aagattgcc aaggcaacagc aataggattt gctataatgg240
gattcatagg cttctttgtg aaattgatcc atattcctat taataacatc attgttgggt300
gctgaataca ttttggaaga gagtttttca tcttagagat tgggtgaaca gtgtgaggg360
gtgagaaact cacagaatac aaatttgctt gtatgttttg tgggtttttt ttttccttt420
caagatgttt tctatttcta aattaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
65 cgcgccgcgc aatttagtag tagtaggc
508

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3588 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98 30

```

ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaagggaag ggaatcccat tttgtgatga 60
tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggtgt ctctgacctg 120
aagcttttga agtaagggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gtttatagt gtaatttggg 180
gagtttgagc tttgagcttg tcttagaaaa taagactgtc cacctgggga ggggagctta 240
tagggaaccc gtgttaactc agaagtctga agaaagtgt tttagccaac aaaagtaaga 300
ttactatcta gaagggtgaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
taggtttcct ttggtttata tccccagttc ttaatactaa aacttatttg acttctatc 420
aggaagcaca caaaaaaagc gtcattttaa accctggata taggctttaa aggatacaaa 480
aacagcagca ttgtcgtttt gccagggtca tcaccatttt gatgtgctac ccctccttcc 540
accctccctt tctgcccccc aagcctccca gccaggccag atgtgaagat tctattaatc 600
actgttttcag agaactataa ttcttgata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 660
tgtgactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagttaa atagctctcc tagacttgag 720
cttcagccca ggcatttaga tcaactctaa gcctttgtgg aattctgagg aaaaaagca 780
agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc ccctccctgt aggggtgggc 840
gcgtggctca gctttggaaa atcattttgc cagtaattat gcctgtgaat ccctttaaga 900
agtcgtcctg atctgagcct gtctttctga gcactttggt gctgaattga aaatggtaag 960
ctaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg ccaaaaaaaaa 1020
agtttctcag gttaaaccctt tgtctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact 1080
aatcagtggt ccaagggata tctagctttg gttactcagt tctgcagca taacagatat 1140
gacttatgcc aggggaaggtta gaggtgatt atggagacac ccaggaacag gaataagaag 1200
ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtttcc 1260
aaagtgtcga agtaaaaagg agacttgag ggctttgtct taatgagcaa gaggcttgtg 1320
tctcccaag aacatgagg agttcagaag ggagctatag ctacagaca gaaacctgcc 1380
cgctcacccc atccctcgtg actgggagca tgtttgtcga gaattttcta agaggactct 1440
cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgttttag ctctgagaat ctactcttt 1500
catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcagg atcagaaaca tcagagtcca 1560
gggcccagtg gcatgggtgt gcattagtag ttgaaaaagt aattggctag ctctactgta 1620
aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt gttttgtgat 1680
ctgaagactg tcaaaactgt tgataatcaa agaaaagggt ggtggttaga ataagtaaaa 1740
tttcagttag aaagatatag cttaccagtt ttccatgtgc ttaagggaag caagaatatt 1800
tcaggttgtt gagaactgtt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg 1860
tgtatcagag agaggaagtg gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgccagc 1920

```

65

# DE 198 18 620 A 1

```

ccagcctcca tttcaaagac tttgtcttcc atcctatcca atgacatggt cagggatggg1980
ctctgaggag gcagtggagg cccaccttgg tttgtctcac tgtgtgtggt agtctccaaa2040
cagcttaagg gtttttaagt tttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100
5 atcagaaaag ttaacatccc tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgct2160
ttctcccctt ttccagggtg gccatccata tacaatctcc tcttggccaa gttcaacaaa2220
tggttccagg gaaccccctg ggttgaggca aagtagccaa gatgtattga gtttaagtttt2280
tctagaggac aaaagtattt cttgtccctt ttccctcatg ctcatatgtt ttagctgagg2340
cgtaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacccatgt2400
10 acccagggac cagtccccctg gggaatcaca cagtggctca gactagactg ctctatccca2460
ccagaactct gctgctgttc atttccatca ggaccacca ggaaagcaaa taagttagcc2520
ttctcatcat taggtcacct aatctcttgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580
tggttagaga gtgtgttcat aattgtagaa agggatagaa aatggaataa ccaagaggct2640
gtgtcatttt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactgggaat2700
15 ccaaggaatg gtgcttgtag ggaaagagag gtcagttgtg gtctttaaac ctcttggcac2760
cttgtgcggg ttataaaaaca aggagctgga gtaaaattgc ccttaccccc aatccaaatg2820
ctgtccagga tttaggagct acctaacctg tggttatatg gtgttgggtt ccattttttg2880
ttgttttgc tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagt caagcttttc2940
ttcttgcccg ctccagggtg gcctcttccc cgtgtcttca cagcgtccct aaggaagatt3000
20 ttgagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttggg ccagagaagg cggaaggaaa3060
tagttttcct gtttcccttt ctcgagggtg atgtcctcag gtttccctca caccctcttc3120
tcatgggtgc ggctggcagt acagtccaggc tgtggaggag ggctgagaag aaaggggcac3180
tggtccagcc ccagggttgg tctgagacag gtacacagca gataccatcc caccctcttc3240
tctaaagaac aggccagcca cacatataac ccttcccta ctttactaat gtatccctta3300
25 tgtggtacca gcaatggagg acaggcagac ttaccccctg ccatctagag agaattgtgt3360
tattaccctg aaaacttgac cacccccata tccactcct ttttgtaaaa acaaattgct3420
aaacctgtga gcctgcccgt cctttctatg tgttaatcag ttctcttoca tttgagctgt3480
gtgggaggga agggcattga aattgtaggt tgtaattctg tgccaaccaa taaaaaccag3540
30 ttttccacac acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 3588

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1218 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

tggtggcggt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttgatttct 60
cgaactgctg ttgtcatgaa gactgtgcaa gaggaaaaat tgatgggaca cttgggtgtt 120
65 gtattgtatg agtatttggg tgaagagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttggagca 180
ctgaaggcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaccaat taaagatctg 240

```



# DE 198 18 620 A 1

```

ctgcctagac tcacccccat cttaaagaac agacatgaaa aaglarcaaga gaattgtatt 300
gatcttgttg gtcgtattgc tgacagggga gctgatatg tatctgcaag agagtggatg 360
aggatttgct ttgagctttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
acagtcaaca ctttgggta tattgcaaag gccattggcc ctcatgatgt attggctaca 480
cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaagg cagaacagag ttgtaccac tgtagcaata 540
gctattgttg cagaaacatg ttaccctttt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgctttcctt cttgtttgaa 660
tataattggtg aaatgggaaa agactacatt tatgcccgtaa cacogttact tgaagatgct 720
ttaatggata gagaccttgc acacagacag acggcctagt cagtgggtaca gcacatgtca 780
cttgggggtt atggatttgg ttgtgaagat togetgaatc acttgggtgaa ctatgtatgg 840
cccaatgtgt ttgagacatc tctcatgta attcaggcag ttatgggagc cctagagggc 900
ctgagagttg ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
ccagcccggg aagtcagaga tgtatattgg aaaatttaca actccatcta cattgggttcc 1020
caggacgctc tcatagcaca ttacccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata 1080
atccgggttaa tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtgggttat tttgggtggt 1140
aatgcccact gcttcacacc ttaaacttgc tttagattgg tgggtgtacc tttaaacatg 1200
cagatcagtg gtgactgg

```

1218

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

gtgctcaaga agtgccctga gttgggtgtac agtgccatgg ccagcaagaa tcccagattt 60
cagggttttat tacaaaatgt aagtgggtcac ttggcgattt tgtagtacat gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaag agatcgtag 180
agtgcacaac aaaatcacta toccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgaccatggc agtgtttctg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggt tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggccct ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaatgtaa acttctaaaa 540
atatggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg atacccttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaaatgtca attgctttta acttaaatta cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780
atttgtgtata taatgtttta tatttgtcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaagggt actgtattgt ttatatttgt 900

```

# DE 198 18 620 A 1

```

accccaata acatcgtctg tactttctgt tttctgtatt gcattttgtgc eggattcttt 960
aggctttatc agtgtaatat ctgcctttta agatatgtac agaaaatgtc catataaattt1020
tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tgtaaagagg agaaaaaac ataagctgtg1080
tttcccata agttttttta aattgtatat tgtatttgta gtaatatcc aaaagaatgt1140
aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtcctaa cactacagta gaagaatgga1200
agcagtgcac ataaattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaagt1260
atacgttgga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa
1303

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
actagaaaat gtagcagaat ttgaggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagtta agggctcctt 180
tcggatctac cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
attacctgac agcgtcccac aggaatgcac ggttaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
gtccagcccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
ttatgacacc tttaccgggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgata tggaaaaccg 540
attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccccta 780
agagcggttt gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaac 840
aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcctt ttcaacatca cccccggaa 960
agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttggacga1020
gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggcaa1080
tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatgggt aagggaattt1140
taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatccac ccaggctgat1260
cattcagata tgggacaatg acaagtttct tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
tgacttgcgt cacacgatca ttctgcgaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440

```

# DE 198 18 620 A 1

```

gtccatgaaa ggatgggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggetgg1500
gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgcgaaggag gccgacgaga gycacgcccg1560
gaagggggcg gacgaaccga acatgaaccc caagctggac ttaccaaatac gaccagaaac1620
ctccttcctc tgggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtg ggcgcgctt1680
taagtgggtc atcatcggtc tgcgttccct gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct1740
cctctactct ttgcccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
gcaaaggcct catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac1860
atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
atcatgttat ctcttaagta ttaaaagttt tattttctaa agttttaaag atgtttttca2040
aaatattttt caaggtggct ggttccattt aaaaatcacc tttttatatg tgtcttcggt2100
tctagacttc agctttttga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
gatatacttc atatttgtta tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata2220
gttagaacia ttcttattta tgcccacaac cattgctata ttttgatgg atgtcataaa2280
agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1377 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

cattactgtt atatgagaaa cattttagta atttaataaa aggataatgt ttattttaaaa 60
aacctgactt ttccagagta attttgtttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120
ttctataaat caaatcagag ttaaataata aaaatttgtt aaatacaatt gacataggaa 180
ttacattaaa atattaggaa gaaacaagga caaatttaga ccttgaatcc gaagagataa 240
agcttacttg actttcaaat ggagagatga tgaaaaccca ctcattcagt ctttcagaac 300
aaaaagacag tcattctgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttgga 360
catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420
caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480
ataaactttc tgttcaaatt accagcatca gagagcttcc catttgcatc tagaccttga 540
atztatattt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcatat tcaccaataa 600
cagttaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgttagtgtc 660
tcagtaaatg tgttattttg tcattttttc aaagagagtg ttgtagggtt tccctgtagt 720
tcttccctta tagcttttct tctgataacc atgacttcag gagctttaaa actatctatc 780
ttgcatttgt gtctggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840
atgtgaggac tgggtgtgtc tggggctcag aaggtaaaga actatttgag cagatgtgtg 900
tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagtatt gttagagatt tcattttaca 960

```

# DE 198 18 620 A 1

acacaaaaat aagcctgtgt caaagatttt aaaatcatgg aaagttaaaa tctagzaaga1020  
 ccttagagaa ccagccaacc aactctctca tttttaaagt gaaggattca tagcacagat1080  
 tacttgccca agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaagaa1140  
 5 ttagtcccca aattcagtgt tcttcctagt attaaacatt gcccctttcg acaaattttg1200  
 gatttcaatc ttggtatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttact gggtagatga1260  
 cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtgt1320  
 ccagcagcaa tgtagatatg tgtgacagtg gtcatgtaga agttataaag cagagta 1377

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60  
 gtgttgagc aggacaggca cttagttctg atgctgtggt cctttgtgat agtagagcac120  
 cggggttaac caccactcct ttaggctact ttagtgaca acagaagtaa aatatttcaal80  
 45 ttatttaatt tagaatgta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat240  
 aatttttact cttttgtgca agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgagac300  
 attgacaggc cattt 315

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

atgatcatgc	cactgcactc	catcctgggt	gacagcaaga	tcttgtaaaa	aaaaaaaaa	60
aaaaaaccag	gagtgaaaaa	ggaaagtaga	aggcagctgc	tggcctagat	gttggtttgg	120
gaatattagg	tgatcctgtt	gagattctgg	atccagagca	atttctttag	cttttgactt	180
tgccaaagtg	tagatagcct	ttatccagca	gtattttaag	tggggaatgc	aacgtgaggc	240
caactgaaca	attccccccg	tggtgcacca	gatagtcaca	gtcaagggtg	gagagtctcc	300
ttccagccag	tgacctaccc	aaaccttttg	ttctgtaaaa	ctgctctgga	aataccggga	360
agcccagttt	tctcacgtgg	tttctagctt	cttcagactc	agcccaaatt	aggaagtgc	420
gaagcacatg	atggtgaaaa	acctaggatt	tggcagcctt	ccagaatggg	atggaatctg	480
agggaaagatt	tatgtttcgt	tttggaggat	agctcaagtt	gaattttctt	tccagccagt	540
taccttttca	acctaccat	actttgtaca	actcttacac	aaatacttag	atatttatta	600
gatagccctg	aattcactct	aattataaac	agggagtgt	aactgcccc	agatgttcct	660
gggctgggta	aaagcagctg	gagtgaagca	ctcattttcc	ataaaggtaa	caaagggcag	720
ctcagtgggt	actcaagctc	aaaagggttt	ttttaagagc	aagcattggg	taagtctgtg	780
tatactgagt	tggaagtgat	ttcagcacat	tcttttttag	tggagtga	gttctgaagc	840
ccccttttaa	cttctctctg	gtttttcatt	ataattggt	gccatctcat	gaactgtctc	900
tgactgttgt	ctctttgtgg	tcatgtgatt	gtgagcttgc	tttctgactt	gcatttctga	960
ctttatcctg	ttgttaggaa	gatagaaact	aggttttgaa	agattacatg	attcaagcga	1020
gggattttaa	agtaagatg	tatttatct	gaagaatcta	aaagataaca	gattatttgc	1080
ttatgaaaga	acaatatagt	ctgggaatcc	cagaatgtca	agccaaagg	ctaagaagtc	1140
atctccttca	aatactttta	taaagaagta	tttctaggag	atatctgtcc	aaaaagggtt	1200
gactggcctc	cagattccag	ttatttttaa	aaagcaactt	accactaaat	ccttgagtct	1260
ccatagagta	acagtaaaga	aactgatgta	acagactctc	ctctcaaagg	atctcctctg	1320
gaagagacta	tcagcggcag	cattctccag	ggaagaccca	tcccctagt	ccagagcttg	1380
catcctggag	actaaagatt	gcactttttt	gtagtttttt	gtccaaatgc	aatccatttt	1440
ctgtgcctct	tagcatgcag	ttagatttgg	acaaacaaga	ttcctaagga	atgactttat	1500
taactataat	atggttacag	ctattatata	aatatatatt	ctggttatag	ttctaataat	1560
gagatgttgt	gtgcaatgct	ggcctgtggg	ggtctgtgta	atgctttaac	ttgtatggag	1620
gaggccaggc	tcagagctga	gatgtggcct	gaaccttccc	tgtatcgatc	ctttaattta	1680
gaactgtcaa	gatgtcactt	tctccccctc	tgctttttag	tggtatctga	catatactca	1740
aaacagtaat	ttcctgggtc	catcattaac	tgctaattct	gtatttataa	agaattttca	1800
gatggacatg	tacaaatttg	aactcaaacc	atccccagtc	cagatacagg	gcagcgtgta	1860
ggtgaccaca	ccagagcctc	agcctcggtc	cttctcagcc	gtcgggatag	gatccaggca	1920
tttcttttaa	atctcagagg	tagcagtaaa	cttttcagta	ttgctgttag	caagtgtgtg	1980
tttgccaata	gataccatt	atactaatt	gccaagttaa	tgttcattgc	acatctgctt	2040
ccactgtgtt	cccacgggtg	ccatgaagtg	tgtgaggagc	ccctcatctg	gagggatgag	2100
tgtgtcgttg	actactgcta	tcaggattgt	gttgtgtgga	atattcatct	acataaattt	2160
tatatgcaca	gtaatttccc	tttttatatg	tcaagtaact	atttgtaaaa	gttatactca	2220
caaattatta	taatgattac	taatatattt	tttccatgtt	tcattgcctg	aataaaaact	2280
gtttaccact	gttaaaaaaa	aaaaagtaaa	aaggaggagg	tgggaaaaaa	aagctggggg	2340
gggggcccgg	tagcc					2355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

25 attcggcacg agcatgaaac atgctcattt. tacctaacag taaacaagta tgttttgata 60
   gatatactgtt aatatgctta tagtggttaag aaatggactt gaggtcccag gagatttcat 120
   tttattcacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttcctaacc 180
   aggtgtaggg catgttcatg aatatcaaatt cttttgatgc tggacccaag agaggaaaag 240
30 ttgtagctaa atgttgattt acttataact agacgtctat gtgagaaaat atatgtatac 300
   atatatatga tatgcagaag tcactttttt tatcaggctt tattctcctt acaaagccac 360
   agtttaactg tctgcaacag ttggtttatg ttaatgatag acaaataccc agtgtttgtt 420
   actttttcca actaccactg taatgataat ctttctcacg tatatacatg caacttcttg 480
   gcttcatttc catgaagctg tttcaatata ttcagtatac tttgtcctta atgctgcttc 540
35 tgttaacagt gatctctttc tttttttcat tcttatatct tcattagttc atcataaatc 600
   tgtccagttg aggcctcagg accacggcat gatttcatga ctccgaagta ttttacagaa 660
   acatttttta aataaggga atattttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
   gctagttttt ttttttcttc taaaaaatgt caggttttta aaatcattta ccttattaaa 780
   atgaaaagtg ccatacttaa cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
40 actgtttttg tactttacta atctttaaac tatcaggaaa aaaaccaaaa ctttatacca 900
   atgatttagt aatttttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaatattc 960
   tcttcaaag ccaccttctc aatttataac taaaatagtg ttatctgact aattcctctg1020
   aattttgatg taagatctat ataggcccc aaaaatgatc tagtacatgc cagtcatttc1080
   tcagtgaat aaatacaata ccagagtaca ttatggggtt tattgctttc ttttatggta1140
45 gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaaa tcaaatagaa tcttatatct gtatgttaaa1200
   atagagcact taactgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tcccagtctg1260
   tcctgtgctg ggtggacctt ggacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttcc1320
   ctgttcccaa gtgccttgt                                     1339

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3751 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

gatcgcgagc	ggccttttga	atctattgcg	caaaagaagt	ttcatttttg	ttacttagac	60
ctaagatcac	ttattaaaaa	tccttatttt	ctccaagccc	agcaaagcgt	gacttctggg	120
caaacctgaa	aacctgaaaa	tgccactttc	atgcagtttg	tttgaagtta	agtggaatcc	180
tttcaaatga	cgagctgcag	agaactcagc	accaagggct	gcctatctgt	agatagctgt	240
aaaatggaat	attttttaat	gaaggcaaat	aagtacttaa	aagtgagctg	agcaataaaa	300
tggtccaata	ataggtaaat	gcaacagaaa	cagaaggaga	cctggttgcc	ttatgccttt	360
actctttacat	ggaataaatt	cccaatgcat	atcctatgta	aaccataagt	gaagggaat	420
aaacctcgtc	atgctccatg	ctgtgaggtg	tcctttggat	attctgtgat	gacagagaag	480
cctattttgt	tttgttttca	gcattctttc	ctgatgtacg	tttttaagga	ttttgtaaga	540
gctgttttca	gtgttttaat	tagtgctatt	tttccttggt	tttaaaaatg	aatctcgtac	600
tgtatctttac	tatgtccata	cagatgttac	aaatcgacag	ttttattctt	agactcatgt	660
gatccaagct	gtatatacca	tatataaaca	ttttacatga	atcatttagt	tttttaattc	720
atttactaat	gtatataaat	ttcctatatt	accccagtaa	tttgcatcag	ctggtttata	780
tactaaagca	acatgttttg	atgagtttct	tacatcctta	tcgaggaatt	gggttaggaa	840
aaaatacata	attgtaaaaa	tgagtttgct	gtattatact	ttttttcttg	agtattagtt	900
gtattactaa	tcataatgtg	attaactgtc	tacttaaagt	caaggtagct	gtatttttaa	960
tcactaat	tttttttagt	tgaggaaatg	atttcaggtc	ttttattaga	ctaacatttt	1020
ttgagaagta	aaattgactt	catatacaaa	gcctgtaatt	ttaggcgaaa	tggaagcaga	1080
aatctatgaa	gttgtgcttg	cttgtatgtt	gagtttggtc	tcagactaag	taatgcatac	1140
gaattcatct	gtttgaagcc	tgaataaatt	taggactctg	attcactgac	caaaagtcag	1200
tggtgcajag	atttctctac	cccgatgggt	attttgttag	attgttcaac	aggaagcacal	1260
tgattgagaa	catcttgagg	cagaccaaaa	ccactgacag	atggcaaggc	tcggcgattc	1320
tgatttcctt	tctcaaatct	gtcacaactc	aagagtcctg	agaaactgct	aaaattttgc	1380
ctctgtcagj	caagtctttac	aaatgttata	ttgtaaacct	ttgaggtgaa	ctattccact	1440
gtcttgtaca	taggcattct	attcactgca	ccctgtcaca	cccagcacc	cccgcctcgc	1500
acattatttg	aaagactggg	aatttaattg	ttaggagacag	taaatctact	tctttttcca	1560
gggacgactg	tcccctctaa	agttaaagtc	aatacaagaa	aactgtctat	tttttagccta	1620
aagttaaaggc	tgtgaagaaa	attcatttta	cattgggtag	acagtaaaaa	acaagtaaaa	1680
taacttgaca	tgagcacctt	tagatccctt	cccctccatg	ggctttgggc	cacagaatga	1740
acctttgagg	cctgtaaaagt	ggattgtaat	ttcctataag	ctgtaaatag	ggaggtattg	1800
tggttccatt	tgagtaagcc	ctccaaagat	accattcaaa	taacctggga	gaatgtcata	1860
aattattcag	ataattaaca	ctgcatgaat	ctgattcaga	ggcatgcatt	tacatatggt	1920
gccctaatta	ccatttgatg	atcataaata	caagtgaatg	acattggact	tttagtaaca	1980
aacttaattt	ttaaaaaggt	gtagacaatg	gtggttaaaa	aaaaaaaaaa	aacaggtacc	2040
aggttctgtc	tgtttgacc	aagtaattga	catgtttttt	gtttaatata	tgtggaccat	2100
gaacagtatt	cattctactt	tttcaaatga	tatgctgtag	aaaatattcc	ttgaagatgt	2160
gagatttaaa	aatttttccc	tttcaatggt	gttttaattg	tattttctac	ttggtttttt	2220
tgattgatac	cacagtgata	aatcataata	ctagacaaaa	ttgtcttctc	tttcaaacca	2280
gagccatata	tatgtctgta	tatatgggac	ctactgcttc	tctgaggaaa	tgcataatct	2340
gttaatatca	gacaaaaatga	gcaattggca	gtgctcataa	tatatccaa	tttttattgg	2400
aattttcgat	ggaatgttat	ttcaataaag	ccatgtaagg	tgaaaacttg	ataacttttt	2460
actcttcaag	ttagggtaaa	ttctgatcca	atattcaatt	catttgtgta	ctcccacatg	2520
caaaatgcta	aattacaatg	cagacattaa	gaaaaagtat	tgactggagg	ggttgaaatc	2580
cttgagaatt	tattttatag	tctaaatcac	aaatacttta	ctcaatttag	tttttaaaat	2640
agtaaaactga	atatttttgt	tgtaaagcca	tcagagtcaa	tccttcgttt	ggaattgttt	2700
tcctgttttt	ccttactata	aatcatttaa	aaactgaatt	cattttctta	gatggcataa	2760
gtctgtctct	tgagaaataa	gtaaaaatac	cctattttca	gtatctgtag	cacctgaaat	2820
aggtctttgt	atagccagaa	acaagttatg	ttgaagttag	cttttctttg	tcaacagttt	2880
tggacaataa	aaatctgaaa	gtattaacac	ttgattttct	actggggccc	ttcaaaactg	2940
gttggagaa	attcaaccag	aatatctaca	ttagagtata	atcatgtgtg	gtaggaagat	3000

# DE 198 18 620 A 1

```

ggactagtta atcaagattt gttgtcactt aaattttttg tgattttttt ccagccagt 3060
ttttttaaat tctaaatgtg ttttgaggta tgggtacatt aattgtaatg taaactatt 3120
tacaactgtt tttgcgactt tataggcagg taaatttttg tattactatt gaatacaaat 3180
5 gacaattcat ttatgaccac tcaaacacgg ttagtaacca tttagtgaac aaggattaaa 3240
acatccatct ggatgttaat tttgaagatg taaattatat gttgttttaa tttttccagg 3300
catctgaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tgggattctg 3360
attttttaaa tagtacatat cattaaccca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaaa 3420
atcttataag attatcagat ttttctaag acacagaaat gtaagaaaaa aatcccttta 3480
10 tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc 3540
aaccatctaa tgctataaag atttttgttc ttctgttcca caaccagttg tataacagaa 3600
atactagcta ctgttttctt tctgtgtgtg gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg 3660
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cctttaatta ataaaaaaaa 3720
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a                                     3751

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 300 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

cgctcggccc ccgaggagag atcgaggtgt acttggccaa gagtctggcg gaaaagctgt 60
atctatgtca gtaccctgtg cgtccagcct cgatgacctt cgatgacctt ccgacacctt 120
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagcttga gatggccatc gacaccctga 180
acccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agattgcgct gaacgtggac ggggcctgcg 240
ccgacgagac cagcacgtat tctcgaagc tgatggacaa gcagaccttc tgctcttccc 300

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung



# DE 198 18 620 A 1

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

gccaaccttc	cctccccaa	ccctggggcc	gccccagggt	tcctgcgcac	tgccgtgtcc	60	20
tcctgggtgt	cactggcagc	cctgtccttc	ctagaggagc	tggaacctaa	ttctcctgag	120	
gctgagggag	ggtggagggt	ctcaaggcaa	cgctggcccc	acgacggagt	gccaggagca	180	
ctaacagtag	ccttagcttg	ctttcctcct	ccctcctttt	tattttcaag	ttccttttta	240	
tttctccttg	cgtaacaacc	ttcttccctt	ctgcaccact	gcccgtaccc	ttaccgcgcc	300	25
cgccacctcc	ttgtacccc	actcttgaaa	ccacagctgt	tggcagggtc	cccagctcat	360	
gccagcctca	tcctctttct	tgctagcccc	caaagggcct	ccaggcaaca	tgggggggccc	420	
agtcagagag	ccggcactct	cagttgccct	ctggttgagt	tgggggggcag	ctctgggggc	480	
cgtggcttgt	gccatggctc	tgctgaccca	acaaacagag	ctgcagagcc	tcaggagaga	540	
ggtgagccgg	ctgcagggga	caggaggccc	ctcccagaat	ggggaagggt	atccctggca	600	30
gagttcccg	gagcagagtt	ccgatgccct	ggaagcctgg	gagagtgggg	agagatcccg	660	
gaaaaggaga	gcagtgtctc	cccaaaaaca	gaagaagcag	cactctgtcc	tgccactggg	720	
tcccattaac	gccacctcca	aggatgactc	cgatgtgaca	gaggtgatgt	ggcaaccagc	780	
tccttaggcgt	gggagaggcc	taaggcccca	aggatatggt	gtccgaatcc	aggatgctgg	840	
agtttatctg	ctgtatagcc	aggtcctggt	tcaagacgtg	actttcacca	tgggtcaggt	900	35
ggtgtctcga	gaaggccaag	gaaggcagga	gactctatcc	cgatgtataa	gaagtatgcc	960	
ctcccaccgg	gacggggcct	acaacagctg	ctatagcgca	ggtgtcttcc	atttacacca	1020	
aggggatatt	ctgagtgtca	taattccccg	ggcaaggcgg	aaacttaacc	tcctccaca	1080	
tggaaccttc	ctgggggttg	tgaaactgtg	attgtgttat	aaaaagtggc	tcccagcttg	1140	
gaagaccagg	gtgggtacat	actggagaca	gccaagagct	gagtatataa	aggagaggga	1200	40
atgtgcagga	acagaggcgt	cttcctgggt	ttggctcccc	gttcctcact	tttccctttt	1260	
cattcccacc	ccctagactt	tgattttacg	gatattcttg	ttctgttccc	catggagctc	1320	
cgaattcttg	cgtgtgtgta	gatgaggggc	gggggacggg	cgccaggcat	tgttcagacc	1380	
tggtcggggc	ccactggaag	catccagaa	agcaccacca	tctaacggcc	gctcgaggga	1440	
agcaccgggc	ggtttgggcg	aagtc				1465	45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cggccggagg agcaggatgg agatccctgt gctgtgcag ccgtcttggc tgcgccgcgc 60
ctgggccccg ttgccgggac ttgcggcgcc cggacgcctc ttgaccagc gcttcggcga 120
ggggctgctg gaggcggagc tggtgcgct ctgccccacc acgctcgccc cctactacct 180
gcgcgcaccc agcgtggcgc tgcccggtgc ccagggtgcg acggaccccg gccacttttc 240
ggtgctgcta gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tgggtggcga 300
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcgcccgat gagcacggat tcgtcgcgcg 360
cgagtccac cgctcgctacc gctgcccgc tggtcggtgat ccgctgcgc tgacgtcgc 420
gctgtcccc ggaggcgctc tgtccatcca gccgcacca gcgtcgccc aggcccccacc 480
gccagccgca gccaaagtgg agggggtgg gccgcgcccg caccocggga gcctcctcag 540
gctccctcta ttaaagccga tctgactccg ccagccaga tgtcccgagt gcgccaaagg 600
ctgtccctc accactcct ggattctgct ctgacctcca tcctggacac tgccttgata 660
acatagacc ttccactgac accctogctc tcagagcccc tcagctttc cgaccccaca 720
ccgacaactc ccgggttcc agacctacc agcaactacc taacctcag ccgacagtct 780
cagccccacc gacctactt cttggcatat agccccactt aagacccctc ctctacttcc 840
ttctgagtcc tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
ccaaattatg gtgtagacag ccctggccca accccaggcc agtcaggcac aatcccccca 960
ccccccaaac gtcttgact gcacagacct cccactccag accatccagg cctgggtcccc1020
aagacccgat ccttccctg caaccagaca gtctacaact gccccctcca gccattttc1080
tgccgtgata cccagccag ccacaccaga ctctggaacc ctttttcgac tgccccaact1140
cttgacacc aggcacaacta gaacacccaa caccaaactg tacagactct cccaccccaa1200
cctccccaga ctctgcacgg atgtcttagg cccctcccc aactctaacc agaccccatc1260
cccctaagtc cctttgtctt gacccccaaag tcttcaacca gatctctcg gcaacccacc1320
tcccacctc cctctctct cttcaagac ccaactgagc accgctctg attccccaca1380
gcctttctcc ctgcaccac tcccttagtc tttcccaggc ttactctccc aataaatgtg1440
ctagagctct gccaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcgc ccggaatt 1488

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

5

```

aacatattgt tgaaggttaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttggtcatt ttatgttaag120
ggaagaattc cagggatagg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac180
tcttttccca ctgtttaagg agttagtga ttaactgccat tcaattcata atccagtagg240
atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttotcatga tccaactaat300
gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgccctgaata ttgttatgt360
agataacaag acctcagtcg cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa tagggtctaa420
ctcagcaact cgcttttagg cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480
ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg540
gcttcactct gcaacatctt tatccgtagt gggatagggt gacactagcc caatgaaatg600
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt660
tccctgcctc tcatcaactg aatgaggtca gcatgtctat tcagcttctg ttatttttca720
agaataatca cgctttctct aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780
gct
783

```

10

15

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

tctgttctgt ggacaactgt tactgttctt ccgtggccaa ccatggcggc caccagcct 60
acccccgctc cgccactttt cctggacag tgccctcgca ggagtactca caccgctcc 120
cgcccacacc ctccgtcccc cagtccttc ccagcctggc ggtcagagac tggcttgacg 180
cctcccagca gcccgccac caggatttct acaggggtga tgggcagccg tccaccaaac 240
actacgtgac gagctaacgc caagcaggcg gcggggcgct ggggaatctt cctccccagc 300
ccccgggctc gggagttagt catccagaga cctgcccttc taccttctc gctccccctc 360
ttcctcattc cattgcccc ggtcttttcc ttttggattt tgttttggtt ttggctttgt 420
ttttgatttt tttttattat gaatctctg gacgcagagg tgacagtggg agctggcctg 480
ggccaggacg gcagggtggc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggc gctgagctct 540
ctctctgttt cctctttttt cctctactcc ttccccctca ccccccgctg gctggaagga 600
acctcggttt cctgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccaccgg ggaggaacgc 660

```

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

```

ccaggggcccc gggcttgttt ctctcttctgt tttctttttg ggcagtttga tcaatgatcg 720
agtaaggaat gaccttttaga ttgtgcgact tttgtttttg ttttttttaa ttttttttaa 780
ccaagaatga tttctctctgc ttctctctcc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
5 cacttctcaa gcagcttttg gcaccttcag cctcagagtg gaatctttta aagacaggac 900
ccctatgtcc aggaagggg aaaaggaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaaagca 960
aataataata atattaataa taataaaaga gaaaaaaaaa aatagaataa aaaaccaata 1020
gcacagcccc ttgttgaagg tccag 1045

```

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1386 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```

cacactcact gcccatgaag gaagaggggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60
gcaagagggc tgcaccttag gttctgacct catctgcctc agtgagagcc aggtttctga 120
45 ggaacaagaa gagatgggag ggcaaagcag cgcggcccag gccacggcca gtgtgaatgc 180
agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtgg gtgggtggagg atgctccaaa 240
cccgatgtgc ctgctgtcac acaaagatga cgtgaaggag ggagaagggt gtcaggagag 300
tttcccagag ctgccctcag aggagtgaag gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
aaaagccaaa gggttatagg ggtacactta ggggttgcat gcaagctgtt accaaaaaat 420
50 ttttaagtat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc tttagtattt 540
taataagaat tacaaagaca atggcatact tggggtgaga gggagctgag gatgtctgag 600
gaggggaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
ctgcactttt caattgtgca atcttcttgt gcactttaag gctttttaat tttgtttgag 720
55 aatgcaaatg tatactgtaa gtctaccttt actatctact atgcctactt caccatctct 780
taaggactcg gcattttgtcc acagtccagc tgcaagagag ggtaggtcac gaacagtcac 840
ccgtgctggc tgtagcccc acagaggcaa tcatgcccaa tagattcaag agaagctaag 900
cggaaatgga ggggtgaagg tgtgatctgt gggactgtct gggcctgtta ctcatcctgc 960
tatcaatttc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaa 1020
60 ttcagatgag gcaagaaaaa tttattggcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaaattagg 1080
cttagactgt gcaaagggtc tagctaagtt atcgagctta aaaccgtca attaaacaaa 1140
cattatttga acagtctact catgccacgc actgtgttgg gcttagtaat aaaaaaaga 1200
aaagataagt gcttgttcta gcataaatta aaaggtccaa gggaaattta totggaagag 1260
aacatatgcc aattttttaa ctatgacagc ttttttttcc tctttccatt caaataggcc 1320
65 cgggttcagt cccagaaggg cacaaaatga atgaataaat aaataaatga ataaagacaa 1380
aaaaaa 1386

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1747 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113 30

```

ccagtctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacctatga aagtgaagtg aaactcagat gtctggaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatggtc gctggttccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaaatg tcctctcccg gaaaacataa cacatatact tgttcatggg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggta tacctttgag 300
ggagtttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcctgcagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaagtccag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaataca cctttgaaag cacaattatt tatcagtgtg agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagaac agacagtggg gtggaggggt ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccaattgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gaaccaacgt ggtatatccc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcc 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtccctct ctgcaaaaca 720
aatccatgcc ctgttctctt tgtgattccc gagaatgctc tgcgtgtctg aaaggagttt 780
tatgttgatc agaatgtgtc catcaaatgt agggaagggt ttctgtgca gggccacggc 840
atcattacct gcaaccccg aagacgtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900
tcattgtgtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgctc gaggcgtaca ttatcaatat 960
ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggaggggtt cctgaggagt 1020
gtttgtttag aaaatggaac atggacatca cctcctattt gcagagctgt ctgtcgattt 1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaacgc ccaaatgctt gttcctgtcc agagggtgg 1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttccct gtctgaacgg aggtcgctgt 1200
gtggccctt accagtgtga ctgcccgctt ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct 1260
gtttgccagt ctccctgctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt 1320
ctttcttctt ggacgggaca taactgttcc aggaaaaggga ggactgggtt ttaaccactg 1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcatctctcc tcggtagtgc ctgggcatcc 1440
tggaacttat gcaaagaaag tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttgttact 1500
tggggttact ttttttattt tgtgatatat tttgttattc cttgtgacat actttcttac 1560
atgtttccat ttttaaatat gcctgtattt tctatataaa aattatatta aatagatgct 1620
gctctaccct cacaataatg acatattctg ctgtctattg ggaaagtcc tggtacacat 1680
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttgcac taaataaaaa 1740
aaaccgc
1747

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1526 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gaggcggga gcccgcggc cggagccgcc 60
cggccgaggc gtgggggctg cggggccggc ccatccgtgg gggcgacttg agcgttgagg 120
gcgcgcgggg aggcgagcca ccatgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180
gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240
gcagttactg cagctccagc agctgctcca gcagtcacca ccacaggccc gttgccatgg 300
tgtcagcggg ggtcccccgc agcagccaca gcagcggctt ctgaatctcc agggcaccaa 360
ctcagcctcc ctccctcaacg gctccatgcg gcagagagct ttgcttttac agcagttgca 420
aggactggac cagtttgcaa tgccaccagc cacgtatgac actgccggtc tcaccatgcc 480
cacagcaaca ctgggtaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tcgcagcccc 540
cagcctcaca cccccacaac tgccactccc aaatttgcaa cagttctttc cccaggccac 600
tcgccagtc ttgtgggac ctctctctgt tggggtcccc atgaaccctt cccagttcaa 660
cctttcagga cggaaccccc agaaacaggc ccggacctcc tctctacca ccccaatcg 720
aaaggattct tcttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcagaccccc cagaggggtc 780
tgaggaagcc gcagagcccc ggatggacac accagaagac caagatttac cgcctgccc 840
agaggacatc gccaaaggaa aacgcactcc agcacctgag cctgagcctt gtgaggcgtc 900
cgagctgcca gcaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960
gcagttacag gtgaaggccc agccgcagge cggatgacag taccgaaaca gacacagaca 1020
ccagacctgc tgccctgagc cctggaagcc caagtgtctc cagattcca gccacgggtc 1080
ctgcaggctc aggccagggt gcagtcacag actcagccgc ggataccatc cacagacacc 1140
cagggtgcagc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg 1200
ctgcaacaga agcagggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcagggt 1260
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggcccaa ggcagggtgca gctgcagcag 1320
gaggcagagc cgctgaagca ggtgcagcca caggtgcagc cccaggcaca ttccacagcc 1380
cccagggcag gtgcagctgc agctgaggaa gcaggtccag acacagactt ttccacaggt 1440
gcacacacag ggcacagcca agcttccagg cacagggagc ttcttccggg cgcgggtgtt 1500
agtttcaggc caccaggggc agggcc
1526

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccgagaaaa accaatttaa tgcttctgtt ctcagcattt cacagcatgc aggactcaaa 60
tggatacaac agaagaaaaac aaccacaaat ttttggaaaa ccctttgtcc aatgattcoat 120
atthttgatat ctattgacaa tcccttagaa ctttaaatct caaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccgaat tcggtctgag ggcgggcacc tggagatgag aaaggccgcg 240
ggggggggacc atgtgcctgt gtccacagag cagccgagag gcggggagga cgctgctgcc 300
caggagccca ggcagaggcc agagccagag ctggggctca aacgagctgt cccggggggc 360
cagaggccgg acaatgccaa gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgac ggcgggacct tggccctcat gcagagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattg gccttaaccc cctgcctgat gtccagggtg acgacctccg tggcgccctg 540
gatgccagc tccgccaggc tgcgggggga gctctgcagg tggccacag ccggcagctt 600
agacaggcgc ctgggectcc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag ggccacgcca 660
gccactgccc tcctcgcca gcagcaggtc tgtctcagcc gcacccagc caaactctgg 720
aggtcacact cgcctctccc cagggtttca tgtctgagg cctcaccag tgtgagtgc 780
agtataaaag attcactgtg gcatcgtttc cagaatgttc ttgctgtcgt tctgttgag 840
ctcttagtct gaggtcctct gacctctaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctgggtgcac tcccaggctc aggtcgggga gctgctgcgt 960
ctgtgggtcag gcctcctgct cctgccaggg agcacgcgtg gtcttcgggt tgagctcggc 1020
cgtgcgtgga ggtgcgcagt gctgctcatg gtcccaacac aggtactgt gagagccagc 1080
atccaacccc acgcttgag tgactcagaa tgataattat tatgactgtt tatcgatgct 1140
tcccacagtg tggtagaaag tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
aaaaa

```

1205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

- (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

15  ggtattttcta aaacataaag aggagaatta agtcagctgc agaacaatgg ggctgattct 60
    tctgcttttt ctctggaaaa tcttttcattg cttttgggtgg aaattttacct agagggttaca 120
    accacaggat gtagcttggt ctcttattttg cctttttggg aaaccaatta agattaatac 180
    aggataaagg aaaaaagcaa tctatttcatt atataacaca gttgtttgta ttacttgttc 240
20  cctgcaaagg aaatctgttg aatgcttgca ttttgaattc ttttctaata gaacaaccaa 300
    aaaaggcttc ttatgggtgca gcaggaaaaa agatcatttt tatagctttg cattcttaac 360
    atagcattta aagagcgcca tgaattagag gaaagacatg gaacacacag gtagtcggtt 420
    tgagatcctc ggcttaaaag tctcctagga tggtaatgac ccagaagtat ttccagttgt 480
    ctagtgggtg ggtatgcagg aatgagaagt gttttctttc catttctgtt tggacaggtg 540
25  gcaatcttag cagagccact atttggagtt gataactaaa gatgcaaata acatgactat 600
    gccttcttgt cctcctagga ctatttggag ttctccaaaa ccttgtaaga ggcattgtcag 660
    gcattgcagta aaagcatcta caacttcagc tgggcactgg cagcataggt ctcatcttgg 720
    accatacagt ccacttttat agaagagggt ggaagttctc caaaacaata tccacaacaa 780
    agtctgacct cactctgagg gagatgggaa gtgggaggaa gaaggactaa ccagctccct 840
30  ggagtaagag gaatttgctt tccctgtctg ccaccaggg gctatatgtg ccacctttca 900
    ggttggggcc aaggaagtga tgtcagtggt acagaaggga gagtttagacc tccagacgtc 960
    agcctccctc ccatggggta cattttcaat ctgagtggtt ttgccttagc tgtgttggtta1020
    ttagcttgat tggttggtcc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgttttagttt1080
    ttaggacttt gcctcttcct ttgtccttag cataatttct aggcagagca tccacgaagt1140
35  cggttttcat tgccagctca agagcgacaa tcattttacga gttcctatgt tatgttaggt1200
    gccttatgta tattatccca aatccactgc atggttttaa tacaggcact ggaatataaa1260
    tgaaaaaggt cattacagtc actgacttct tgcaggacct taaacatttc tctttccaca1320
    agtttccctt taatcattgt tcaaacctct ctctctgacg ggaatgttgt gctataatga1380
    atctgcataa cgcttgggat tctaggagga aggaagggtc catggacatg taagtacagc1440
40  atattccctc cagtcttcta ggagggcaga gtgaatccca gaactggtaa gattgggaat1500
    ctgagcattg ccactttaat cttagaatat ttatcatttt gacacatcct gttttttaga1560
    gagggaaaaca aacacagttt ctgcatttgt agtgtaaaagc atacctgtt aggaacgtgt1620
    tttgtaagac acatttgggt tgtcattcta gagcatgtca aactttgtac ttcaaaatat1680
    atttagtatg attgttagtg gtaacatata tcaaggcttt gaattaaactg ttttatttaa1740
45  ttttcacaag aagcacttat ttttagccata ggaaaaccaa tctgagctac aaatagttct1800
    ttaaaataag ccaggttat ttagctattc tagaaagtgc cgacttcttt caagaagcag1860
    gcattgtagg acagctgaga attatcacat agcctaaatt ctagcctggc agcaagagtc1920
    acatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aagggggtag1980
    actaacgtat gtgagaccat tttcctattt gcagttacaa ggttaaagaa ctttgaagggt2040
50  cattcggtcg ctaagaggca tgtcgaacac tctgtgtggc tctttcacag taaacctcc2100
    taagagcaga agacacatgg ctgttagtgt ctgcgtttag atttaatttc tcaaaataaag2160
    gcccttggct gcgtatcatt tcatccagtt ataaactagg gctcctgcaa gcacccccat2220
    tctaaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg ccagcaggc2280
    agggcatttg aagtcattgt catcaaaaag aaatgattgt tttttgaaaa gctaaatgct2340
55  taaaatgctt ctagagggaa gtcgtggggc gtgtgtcat tctctttaaa atcaggggtt2400
    ttgagtttgt ttttaaacat ttttataagt tcatgagaaa aaatatataa attctaagaa2460
    ccaacactgt attcccagaa acatgaccct cgctggtctt ggggtccacat atcattggac2520
    tctggggggac acaaagatgc ctgtgacact ttggtgttgc cgagttagtc aacaattatt2580
    ctgggaaaaa gcagaattga attcttctct agatgtccta ccagggttgg ccaagggcca2640
60  caaagcaggc taataaattc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc2700
    cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcactct2760
    atgagcgtca tgccaatgaa accccatctt ctggagaagc ccttgaatca gaattatctt2820
    ttttcttgat gtcgtcagat gcagccagtt tcttaatttt tttaaaaact gtatgtttct2880
65  gtggtatgta tatttqtaca cctaactacc tggcacttgg aaatcacagc actactcaga2940

```



# DE 198 18 620 A 1

```

ggcaattgaa taaagagaaa ttttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctcaaa3000
cttctgattt tatcaaaggt ttgccagcca ataaagtgc tccaagtat acaggggaga3050
aagctagact cctacaggggt cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
taatttttct aattttttatt ttttggttcc aaatgtaaaag ctccctgtgt ttacctctgt3180
ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggatc catagtcaag atatcataag gacctacttc ccagcctacc tttcttcctc3300
tacctgataa tgataaatac caaaataaca acattcaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaaa3420
aatttttaaa tcaaaagatt gtacttggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
tttgacttg gccctgagtt gaaaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaaataa caaaagccat agtgttttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtcagagaat ctttgatact tttatttggg gcaataatca aggccatgca3660
acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtgggg acagaagctg3720
tggcagtcac tcaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggccctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
tttaatcagc agtccttgtg agctaggtat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
gagattcg

```

3968

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

gtaatgggaa atttgggtgtg ctgaatcttc ttcttaggat attgatatat tccacgcttc 60
tagtggggtat tctgggaatt ttaccctgct cagtatttgc ctaggggtac tagaaagagg120
agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctogtgtaga agtggaatg tcatacagga180
tagcaaacac tcttggttcc tttttgccc ggcttgccc gagccggcaa cagcaacaaa240
atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatt gatgacgaag300
atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcacat360
agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagttag acctcgctac agtgggtccag420
cacctcctcc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480
ccaatggatt tgaacagaag cgctttgcca ggcttgccag caagaaggca gtggagggaac540
ttgcctacaa atggagtgtt gaggatatgt aactttcctg aggtgtgtgg ggtggctggg600
ctgtggtagt gggcataggc agcgagatat ccagtggtaa cagtgtctg tgctaataat660
tggagccac acagaccagc aacttgttga atgccagtt tgaccacaga agaataattcg720
agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgggtgtt780
ggtgggtttt_cagaggaa

```

798

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1068 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

ccccctctctg  tgactcagtc  tctgagcgtt  ttaatacgtat  ggtgtccccg  cgggatcaaa  60
cttcagcgtc  acagctgagg  actggcttcg  tgggtccctga  tgggagagca  tgaacagggtg  120
gtatgtgaag  cccttggaga  ccagctcttc  caaagtcaaa  gccaaagacca  ttgtgatgat  180
tcccgactcc  cagaagctcc  tgcgatgtga  acttgagtca  ctcaagagcc  agttacaggc  240
ccagaccaag  gctttcgagt  tectgaacca  ctcaagtacc  atgttggaga  aggagagctg  300
cttgacgcaa  atcaagattc  agcagcttga  agaggtgctg  agccccacag  gccgcagggt  360
agagaaggag  gagcacaagt  ggggcatgga  gcagggccgg  caggagctgt  atggggccct  420
gaccaaggc  cttcaggggc  tggagaagac  cctgcgtgac  agtgaggaga  tgcagcgggc  480
ccgcaccact  cgctgcctgc  agctgctggc  ccaggagatc  cgggacagca  agaagttcct  540
gtggaggagg  ctggaactgg  tgcgggagga  ggtgaccttc  atctatcaga  agctccaagc  600
gcaggaggat  gagatctcag  agaacttgg  gaacattcag  aaaatgcaga  aaacgcagggt  660
gaaatgccgc  aaaatcctga  ccaagatgaa  gcagcagggt  catgagacag  ccgcctgtcc  720
ggagactgaa  gagataccgc  aggagccagt  ggctgctgga  aggatgacct  ccagaaggaa  780
ctgagtgata  tatggtctgc  tgtgcacgtg  ctgcagaact  ccatagacag  cctcactttg  840
tgctcggggg  cctgtcccaa  ggcctcgagc  ctaagaggcc  acaaggggca  ccagtgcctg  900
agccctccac  tccctcctg  ggactctgac  tccgactctg  accaggacct  ctcccagcca  960
cctttcagca  agagcgcgcc  ccccttccca  cccgcttgag  cagccgggac  tgctctccct  1020
gaagaccct  ccagagagaa  aataaactag  cccagaccct  cctctaaa  1068
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4584 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

15

```

ctcgagccgc tcgagccgcg gaagtaattc aagatcaaga gtaattacca acttaattgtt 60
tttgatttgg actttgagtt aagattattt tttaaatcct gaggactagc attaattgac 120
agctgaccca ggtgctacac agaagtggat tcagtgaatc taggaagaca gcagcagaca 180
ggattccagg aaccagtggt tgatgaagct agggcttggg gcaagagggc aagcagcagt 240
tggtggtgaa gatagggaaa gagtccaggga gccagtgcga tttggtgaag gaagctagga 300
agaagggaag agcgctaacg atttgggtgtt gaaaagagga attgggagtg gtaggatgaa 360
acaatttggg gaagatagaa gtttgaagtg gaaaactgga agacagaagt acgggaaggc 420
gaagaaaaga atagagaaga tagggaaatt agaagataaa aacatacttt tagaagaaaa 480
aagataaatt taaacctgaa aagtaggaag cagaagaaaa aagacaagct aggaaacaaa 540
aagctaaggg caaatgttac aaacttagaa gaaaatttgg agatagaaac aagatagaaa 600
atgaaaaat tgtcaagagt ttcagataga aaatgaaaaa caagctaaga caagtattgg 660
agaagtatag aagatagaaa aatataaagc caaaaatttg ataaaaatg actgaaaaaa 720
tgaggaaatt attggttaac aatttatttt aaaagcccat caatttaatt tctggtggtg 780
cagaagttag aagctaaagc ttgagaagat gaggggtgtt acgtagacca gaaccaattt 840
agaagatcac ttgaagctag aaggggaagt tggttaaaaa tcacatcaaa aagctactaa 900
aaggactggt ttaattttaa aaaaactaag gcagaaggct tttggaagag ttagaagaat 960
ttggaaggcc ttaatatatg tagcttagtt tgaaaaatgt gaaggacttt cgtaacggaal1020
gtaattcaag atcaagagta attaccaact taatgttttt gcatttgact ttgagtttaag1080
attatttttt aatccttgag gactagcatt aattgacagc tgaccaggt gctacacaga1140
agtggattca gtgaatctag gaagacagca gcagacagga ttccaggaa cagtgtttgal1200
tgaaagctag actgaggagc aagcagcaaa gcagcagttc gtggtgaaga taggaaaaga1260
gtccaggagc cagtgcgatt tggatgaaga agctaggaag aaggaaggag cgctaacgat1320
ttggtggtga agctaggaaa aaggattcca ggaaggagcg agtgcaattt ggtgatgaag1380
gtagcaagcg qcttqcttg gcaaccacac ggaggagcgg agcagcggtt gtgcgtagag1440
gatcctagac cagcatgcca gtgtgccaag gccacaggga aagcagtggt ttggtaaaaa1500
tccgtgaggt cggcaatatg ttgtttttct ggaacttact tatggttaacc ttttatttat1560
tttctaatat aatgggggag tttcgtactg aggtgtaaa ggtttatat ggggacgtag1620
gccgatttcc ggtgttgtga gttttctctt ttccaggctt atactcatga atcttgtctg1680
aagcttttga yggcagagta ccaagtctcg gagaaatagt agatggcaag tttgtgggtt1740
tttttttttt acacgaattt gagggaaaacc aaatgaattt gatagccaaa ttgagacaat1800
ttcagcaaat ctgtaagcag ttgtatgtt tagttgggtt aatgaagtat ttcagttttg1860
tgaatagatg acctgttttt acttcctcac cctgaattog ttttgtaaat gtagagtttg1920
gatgtgtaac tqagccgggg gggagttttc agtatttttt tttgtggggg tgggggcaaa1980
atatgttttc agttcttttt ccttaggtc tgtctagaat cctaaaggca aatgactcaa2040
ggtgtaacag aaaacaagaa aatccaatat caggataatc agaccaccac aggtttacag2100
tttatagaaa ctagagcagt tctcacgttg aggtctgttg aagagatgtc cattggagaa2160
atggctggta gttactcttt ttcccccaca ccccttaat cagactttaa aagtgcctta2220
ccccttaaac ttgtattttt ttacttgaag cattttggga tggctctaac agggaagaga2280
gaggggtggg gagaaatgt ttttttctaa gattttccac agatgctata gtactattga2340
caaaactggg tagagaagga gtgtaccgct gtgctgttgg cacgaaccac ttccaggact2400
ggagctgctt ttatccttgg aagagtattc ccagtgaag ctgaaaagta cagcacagt2460
cagctttggg tcatattcag tcatctcagg agaacttcag aagagcttga gtaggccaaa2520
tggtgaagtt aagttttcca ataagtgtac ttcttaaaag ttttattaaa ggggaggggc2580
aaatattggc aattagtttg cagtggcctg ttacggttgg gattggtggg gtgggtttag2640
gtaattgttt agtttatgat tgcagataaa ctcatgccag agaacttaaa gtcttagaat2700
ggaaaaagta aagaatatc aacttccaag ttggcaagta actccaatg atttagtttt2760
tttcccccca gtttgaattg ggaagctggg ggaagttaaa tatgagccac tgggtgtacc2820
agtgcattaa tttgggcaag gaaagtgtca taatttgata ctgtatctgt tttccttcaa2880

```

65

# DE 198 18 620 A 1

```

    agtatagagc ttttggggaa ggaaagtatt gaactggggg ttggctctggc ctactgggct2940
    gacattaact acaattatgg gaaatgcaaa agttgttttg atactgtagt gtgtggttct3000
    cttttggaat ttttttcagg tgatttaata ataatttaaa actactatag aaactgcaga3060
5   gcaaaggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120
    caaacttttt tcagataaca tcttctgagt cataaccagc ctggcagtat gatggcctag3180
    atgcagagaa aacagctcct tggatgaattg ataagtaaag gcagaaaaga ttatatgtca3240
    tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattccttac tactgatgag aacattatct3300
    gcatatgcc aaaaaatttta agcaaatgaa agctaccaat ttaaagttac ggaatctacc3360
10  attttaaagt taattgcttg tcaagctata accacaaaaa taatgaattg atgagaaata3420
    caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaaata ctgcttttac aaaagcagaa taaaagcgaa3480
    aagaaatgaa aatgttacac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540
    gatgagttgg gatcaagtgg attgaggagg ctgtgctgtg tgccaatgtt tcgtttgctt3600
    cagacaggtt tctcttcggt atcagaagag ttgcttcatt tcatctggga gcagaaaaca3660
15  gcaggcagct gttaacagat aagtttaact tgcactctgca gtattgcatg ttagggataa3720
    gtgcttattt ttaagagctg tggagttcctt aaatatcaac catggcactt tctcctgacc3780
    ccttccctag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagcctttttt aaaattgtag3840
    gacttggtcc tgtgggcttc agtgatggga tagtacactt cactcagagg catttgcatc3900
    tttaaataat ttctttaaag cctctaaagt gatcagtgcc ttgatgccaa ctaaggaaat3960
20  ttgttttagca ttgaatctct gaaggctcta tgaaaggaat agcatgatgt gctgttagaa4020
    tcagatgta ctgctaaaat ttacatgttg tgatgtaaat tgtgtagaaa accattaaat4080
    cattcaaaat aataaactat ttttattaga gaattgtatc ttttagaaa ctgtctcctt4140
    atttaataaa aatagtgttt gtctgtagtt cagtgttggg gcaatccttg gggggattct4200
    tctctaactt ttcagaaact ttgtctgcga acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260
25  agcggaaaga cgaatgtaac ttttaaggcag gaaagacaaa ttttattctt cataaagtga4320
    tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaataa4380
    cctcttagac aggtgggaga ttatgatcag agtaaaaggt aattacacat tttatttcca4440
    gaaagtcagg ggtctataaa ttgacagtga tttagagtaat actttttcac atttccaaag4500
30  tttgcatgtt aacttttaaat gcttacaatc ttagagtgtt aggcaatgtt ttacactatt4560
    gaccttatat aggaaaaaga tgag

```

4584

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 982 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

gtggagggga cctgtgtggt agcagcagct atcgagcgt cggtgttca gagcagcaga 60
agccggcgct gtcggatgtt gtgttgcccg ccaccatgag ctacacaggc tttgtccagg120
gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt180

```

# DE 198 18 620 A 1

```

atggatatgg aacttggaac tctgggacaa atagaggcta cgagggctat ygetatggct240
atggctatgg ccaggataac accaccaact atggglatgg catggccact tcacactctt300
gggaaatgcc tagctctgac acaaatgcaa acactagtgc ctcgggtagc gccagtgccg360
attccgtttt atccagaatt aaccagcgt tagatatggt gccgcatttg gagacagaca420
tgatgcaagg aggcgtgtac ggctcaggtg gagaaaggta tgactcttat gagtccctgcg480
actcgagggc cgtcctgagt gagcgcgacc tgtaccggtc aggctatgac tacagcgagc540
ttgacccctga gatggaaatg gcctatgagg gccaatacga tgcctaccgc gaccagttcc600
gcatgcgtgg caacgacacc ttcggtccca gggcacaggc ctgggcccg gccagtcgga660
gcgcccgcc aatggccgca ggctatgggc gcatgtggga agaccocatg ggggcccg720
gccagtgc atgtgtgtgc tctcggttg cctccctct tctccagaa catcatcccc780
gagtacggca tgttccaggc gcatgcgagg ttggggcgcc ttcccgggcg gcttcccggt840
ttggttttcg ggtttggcaa tggcatgaag cagatgaggc cggactggga agacggggac900
cacagccgat ttgcaacca agaagaagaa gagaaagcag ggcggcattc tgattgagcc960
agttagcaaa gcagccgaa tt
982

```

5

10

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

20

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 742 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

```

ctcaacttcg cagcactgcg tgcctcaagc cgacgcagcg gcctactctc gcactgcaga 60
cggggaaact gaggcccgag gcggccgggg tggggcagac ctcccggcga gcccgagccc120
ccgccccggg ctagccccgc cctggcccg aagaagcacc cggggcgca ggcgaaggcg180
cacagcgagg ggccaggctg ggtccagcag cgcgatggca gtcagcggc tgggcaagcg240
cgtgctgagc aagctgcagt ctccatcgcg ggcccgcgg ccagggggca gtcccgggg300
gctgcagaag cggcacgcgc gcgtcaccgt caagtatgac cggcgaggc tgcagcgcg360
gctggacgtg gagaagtga tgcagggcg cctggaggag ctgtaccgc gcattggag420
agacatgccc gatgatga acattgatga attgttgagg ttagagagtg aagaggagag480
aagccggaaa atccaggga tcctgaagtc atgtgggaa cctgtcgag acttcatcca540
ggagctgctg gcaaagcttc aaggcctcca caggcagccc ggccctcgcc agccaagccc600
ctcccacgac ggcagcctca gcccctcca ggaccgggc cggactgctc accctgacc660
ctcttgact ctccctgccc cccggagcc gccagcttg cttgtgtata agttgtatt720
aatggttctg taacaataaa aa
742

```

50

55

60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

65

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

30 gtttgacaa gttgttttaa taggaaatag acctgcgtgc ttcataggtt tcctcaacca 60
   cctttctca gctttcttaa aatgggatct acattggctc ttcacacca aatagcagac 120
   taatcgttt tctgcttagc acctctgggt tcattgtctt gaactctgcc ttacagcagc 180
   aagaaaatt tctctgataa gaacctcaat ctttagttcc attgagctcc ccctctggat 240
   tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatggtcttt ccttcaaagc 300
35 aggtctgaag aggagactac caaagcagtg ttacaaaacc cagagtcac acaaccatat 360
   tgcatagaac agcacttggc ttccacaagc ctctacagg acctggtgta attggagtga 420
   aagggcagag acctggaag tggaggtggc tgtgtgctgc gatgggaaga aggcagaagg 480
   cccaggggt tggacatag agcagggtgg aagctgcaag tactgggaag gaagagagtt 540
   tcacagaaa caagctllgt cacacagaaa tgagttctgt ctactggtg acttcatccc 600
40 tcaggctcca gctgagcaga gattttaatc agcttcttta atgggtattg aactgctca 660
   ggaagcagta caccctgtca gggacagcta ttgatctttt gtgtctgat tagattggaa 720
   aatagatcaa ctctattgta gtccaggaa tgttgggtcac agctactagg aatgaggtga 780
   tttctgaggg ctgagaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtgaa 840
   agatgattc acttctcctt tgagagttgg ggttgagggc aaacatagaa cccaggtttg 900
45 gcttacaacc cagtgtcccg gaagccctcc ttccggagaa ctgtaagtaa gaggtgggtg 960
   tgtctaaga caataccatt aatgaatgtt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt1020
   ggggataact cttggtatca gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gccagagct1080
   tttaaaatga ggtctggcat atacttgatt acaaatgaaa actcagaaac caattttatt1140
   tattaatat tatcttttgt ttttccccct cccttctaac ccccaaaagg acctatttga1200
50 gctgttccc aattcatctg ctatttttgg acctgaatc tgccagagt atattttctg1260
   ttattttctc tccaaatttt tccctgatgt ttccaataaa gatttacttg ggtggcccct1320
   taaggtgaca tcaggatgct ctatgtcct tcagaataa gcatacactt cactcctctc1380
   ccttcatct cctctgtcat tcttaattcc ttgcttttct cacttgagc cgagggtgct1440
   ttagagaggt ggttttccat gaatcagcca agattctgt agaagttggg tataacctatt1500
55 ccagtttcaa agctcctcgg ctatgctaag gtccctcag agatgaggt tgacttttag1560
   gccggtatga ctcctcata gcttgccaa ggagaccatg agtagccatg tctggtttac1620
   tctttatcct gagactggtt gtttatagct taaaacagaa gtgtgtcttc ccagcacaaa1680
   cctaatcaat cagtgtatca gtgcattcgg tggcaacagc tcagccatt caaagagca1740
   ggattcagga aaggcacact gatggtgggg agcctcttaa gaggccttaa tgttctccca1800
60 aaaccagagt tgagagtcgg agtgccagtc gtcggggccc actattcctg aataagggac1860
   atgcaagggc cagaagtagc ttgactctcg cctaaatata tgtgcctttg cctgtccttt1920
   ctcccactct actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgcc ttctgatgaa gagaggttag1980
   gtaaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggaggcagg ctgtggggta ggagaggggt2040
   ctgagaggag gcagcaatcc agaatacctc cttttctagc cagcatccct tgaacttttg2100

```

# DE 198 18 620 A 1

aaagggttggt cctaccactg gctggcacac cagggcaatg atttccttg agaggaagg2160  
 aaagaatgtt ttcacccttg catccttctt gggagaagct accagcatgt tgcttcagtt2220  
 tgagttggtt tcacattcag gatcttgggg ttttatgggt tttccttctt cctgtgttt2280  
 tgccccgaac gttgatcaac aggggtgaaa aagggccacc tgagggtttc 2330

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtctgg cacatcctgg aattcgacta 60  
 tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag ggggatgcct atgtgggtcaa 120  
 gtggaagtgc atggtgagca cggcagtggt aagtcgccag aaggagagac actcgggtgag 180  
 ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240  
 tgagaagggc acgtcgggcgc tgatgacggg ggagctggac gaggaaaggg gggccaggt 300  
 ccagggttctc cagggaaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatggt 360  
 ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagtgagt ggcggtgta 420  
 ctgctgtcgt ggagaggtgc cgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480  
 cagcctgagg tccagaactt ccatggtggt gcttaacgtc aacaaggccc tcatctacct 540  
 gtggcacgga tgcaaagccc aggccacac gaaggaggtc ggaaggaccg ctgcgaacaa 600  
 gatcaaggaa caatgtcccc tggaagcagg actgcatagt agcagcaaaag tcacaataca 660  
 cgagtgtgat gaaggctcgg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720  
 gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc tggaagtgtt aacttcgcgc cccgctgtt 780  
 catcctcagc agctcctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccagac 840  
 cccctctgtg gtcagttcca tgcccttctt gcaggaagat ctgtacagcg cgccccagcc 900  
 agcacttttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggcccat 960  
 cgagaacaag atcactggtt ccgcccgcac ccgctgggccc tccgaccgga agagtgcgat1020  
 ggagactgtg ctccagtact gcaaagaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta1080  
 ccttatccac gctgggtctg agccctgac attcaccaat atgtttccca gctgggagca1140  
 cagagaggac atcgttgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcaccct1200  
 cgtggaagac gtcttagcca agctctgtaa aaccatttac ccgctggccg acctcctggc1260  
 caggccactc ccggaggggt cgtacctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac1320  
 ttcgagtttg cactagacat gacgaggat gaatacaacg cctgccccgc ctggaagcag1380  
 gtgaacctga agaaagcaaa aggcctgttc tgagtggga gacgccagag gagcctcacg1440  
 gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttgg actggtgttt1500  
 ttcacaaagt atttttcaat cagagtttcc agaacctgac attgttaaag atactgctt1560  
 tccccgagtt gtgtattttg taaatgttca agggaactgt ttggaaactt ctttccaccal620

40

45

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

ttcaggaggt tatcagaatt aataaaaagta tctgctatgt gcacttaagc cgtagctgct1680  
 atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaacgctt ttttctttt tttgaagcag1740  
 ttctctttat aaagtgttat tttgatagtt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800  
 tatggattta acaaaagcaat atgtattcat tcactttcga gatttggggg gttgtttttt1860

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

cctttcctca tctctattaa attgtaaaca ggactactgc atgtactctc tttgaggtga 60  
 atttggaatg gaaggccagg gactatactc tttttaaaat agacatttgt ggggctcaca120  
 caatatatga aatagtaccc tctaaaaaag agaaaaaaa aatcaggcgg tcaaacttag180  
 agcaacattg tcttattaaa gcatagttaa tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240  
 tattacatac ttcatctacta ggaagttctt tttaaaatga cacttaaaac aatcactgaa300  
 aacttgatcc acatcacacc ctgtttatct tcttaaaaca tcttgggaagc ctaagcttct360  
 gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgtt tagtagcaat420  
 taaaggctgt ttgcaccttt aaggaccagg tgggctgtag tgattcctgg gccagagtg480  
 gcattatgtt tttacaaaat aatgacatat gtcacatgtt tgcattgttg tttgcttgtt540  
 gaatttttga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt actttctttc atatgggttt600  
 tggttcactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca taccagttt660  
 ccattcctaag aggggaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720  
 cacattggaa aaaaattctt ttatccgtct ttaaggata tgtttaaaata ttattttatg780  
 tgtcggcata ttgcggacag tctgaga 807

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1932 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung



## hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccgggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60  
 aggcgggggt ctggcgaggtt ctcttccac cttcccccac cttctctgc caacgcgtgt 120  
 ttcagccctt agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct tttcaggacc 180  
 caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctct 240  
 ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcctaga agccaacaaa 300  
 ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcggaagtg gatgagagaa 360  
 aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggttaccccc tgccacctca gattttcaat 420  
 gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagtg 480  
 tatgccttct taggcttgac agccccacct ggttcaaagg aagcagaagt gcaagcaag 540  
 cagcaagcat gaaccttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600  
 ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggcttaatg ttgaaataat 660  
 agattagttg ggttttcaca tgcaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720  
 ttatggtgat tatggtgagg agaattggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780  
 atcgtagaaa tagtgttgtt acctgccaaag ccattcctgta tacaccaatg attttcaaaa 840  
 gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900  
 cattaaaaag gagaaagaga aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatttt 960  
 catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgcag1020  
 gtaatgttta tgatatgta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attcccattc1080  
 tttttagtagt gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc1140  
 tttcattgca catttcagtg atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga1200  
 ttcattcagt ggacaagttc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatccaa1260  
 gttccttgcc tcagtgaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct1320  
 taaaatggca ttctctagca aagagattag acttttaaat aactcttata aaacagggtg1380  
 gcgatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttget aaaacaaatc ttagtagttt1440  
 tgcccgttta aaacaactca caatcgtaaa tgctactatt cctaagatat cttacctttt1500  
 tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagttag aatcttttct1560  
 atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaaataaaa agggcaactt ttaaaatatt1620  
 aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca1680  
 tagtaagttt cacactacct tattacaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta1740  
 tcatgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga1800  
 gatgcctttg tttcatgaga ttcaaacttg atgctatgct ttaaaataaa ctcagtactt1860  
 ttagaaacat aaaaaaaaaa aaaaaaggc gacccccga gtagtgggoc cgcgcccggg1920  
 gatttttccg gg 1932

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

60

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ES1s durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

atatatgtta agacattccc ttgctaatta ttttcttctc tgttggttcta tttttttgggt 60
ccagtttgct gtttttaaaag ttttgagtcc cagctgggtcc tgtacattta actgaaaaaa 120
aagtaactta aaataatata aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180
ttgatattgt ttgtcttaca tagcatacct atagacagct taagtaaagt gactgttaaag 240
agggttatgc ttattgatga actctttagt ttgtttacca gctctgttag tatagttaaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atgggtgaag tccaaataca tgtgataatt 360
acaatacact ttgaattaat ggggggtggg aggctagtgt aaatgcattt tatttacc 420
aggagtatgt taaaatgata gttataaatg ttggaagtgt aaagcaagat actcagttta 480
gttctttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgctatt ttaggctgtg 540
tgttttccat atgcttcttg ctttccctgt cacaggtggg ggcagcaata ttggtgtgat 600
tgaggttatg ctggcaccac tcgcacacag gcgcacaatg gtgttagctg ggcagaaaga 660
gtggcatctc tggctaccgg gctggggggc acctttacca taggatgaag taaccttgca 720
ttcggctgca aggtgtactg tacgtacaca ggtgctgggc gatgtccact ttctgctttt 780
ctttctttct tttttctttt tttaaagtaa tttccccac agtaaaatac actgactcct 840
gagtaaatgt attttccagt tttatggaat tgggagtctg acaagtgaag ccaatttaat 900
gtaaagtatt tggctttcaa atggtttctc tgtgctattt tttggaattc tttcagattc 960
cagagatata ttacgtcttt gattcaattt aaaatttgta cttattttct tttagaaata 1020
atgtattgtg tctgtgcaga aaaaaaaaaa ccaaaaagga ttgctttact ccaagaggag 1080
agattgtctt aggataaacc tccaagctca catttaatat aacagactga agtaaacatt 1140
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tctttagaat ctaaaattgt 1200
atatgaactt attcttaaat aattgaaccg ttttatattc aaatgactta tgatcgtggg 1260
tagtttggga aaaataagat ggttaaattt tgatttattg aaatgtaatt gtattatttt 1320
cataaaatag caatttctatt ttgtaatgtg gttaaacatc cttgttgttt gccaaagaaal 1380
tttcatttgg ctgtgaatat tctatttggc tgcagtatct gtttctcttc ctaggctcaa 1440
gttgggtgacc caagcctatt gtaacaagt gattatctca aaggagatg ccaatggagt 1500
aacaatttgt taaccttaag ttttctgtct gtatattttt ttaaaaatct ggtagtttct 1560
ggaaaaaaaaa gagaaggggg tttgtagtac ttaaccctat ttatttccgt atattttagt 1620
taattagttt ttggaataaa tggatttcag tatagctttg tggttaaatt gcattgcctt 1680
tattttatgt ttaggcttat ttttaaatta acatttaaca gaaacatttg aaatagaatt 1740
tgcatgtctg ccttaattaa cttaaagact gattttaatc tgactatgac actgagcata 1800
ttctttaaat tactcataat ttataatgct taatataatc ttaattaaat ttagcagttt 1860
tagtataaga tgtgccattt tgtcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgcctt 1920
tttattgcag gttttccttt ggaatatgga taaatacacc atgatacgga aactagaagg 1980
acatcaccat gatgtggtag cttgtgactt ttctctgtat ggagcattac tggctactgc 2040
atcttatgat actcgagtat atatctggga tccacataat ggagacattc tgatggaatt 2100
tgggcacctg tttccccac ctactccaat atttgcaggg ggagcaaatg accggtgggt 2160
acgatctgta tcttttagcc atgatggact gcattgttgc agccttgcct atgataaaat 2220
ggtgagggtt tggagaattg atgaggatta tccagtgcag gttgcacctt tgagcaatgg 2280
tctttgctgt gccttctcta ctgatggcag tgttttagct gctgggacac atgacggaag 2340
tgtgtatttt tgggccactc caccggcagg cctagcctg caacatttat gtcgcatgtc 2400
aatccgaaga gtgatgccca cccaagaagt tcaggagctg ccgattcctt ccaagctttt 2460
ggagtttctc tcgtatcgta tttagaagat tctgccttcc ctagtagtag ggactgacag 2520
aatacactta acacaaacct caagctttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta 2580
gaagatttat ttaatttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa 2640

```

# DE 198 18 620 A 1

tattatttat agacaataga agtattttctg aacatatcaa atataaatTT ttttaaagat2700  
 ctaactgtga aaacatacat acctgtacat alltagala aagctgctat atgttgaatg2760  
 gacccttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820  
 aatatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aattttaaat tctgggacac tgagtttagat2880  
 ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatcacc tgaggtcagc2940  
 agtttgagac tagcctggca aacatgatga aacctgtct ctactaaaaa taaaaaagaa3000  
 aaaaaaaaa aactcgaaac tact 3024

5

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

40

ctgcacgggc gcagatgtag gcaccggctc gagtgcctgc cctctgtccc cgcggetggg 60  
 tctcgtctgc tccggttcct gggctcctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120  
 gtctgttgtt cccagcgtc tgcaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180  
 gcaggacagg aaaaggagg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240  
 aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300  
 agaagtaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360  
 gggcaaaaca ggagatgagg aaatgtttaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420  
 ggcaaaagaa ggaaagtcag agagggaggg agagtcagag atggaggagg tcgagagaga480  
 gggaaaccga ggtaggggaa gcgga 505

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

# DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

PPLRLFFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60  
HGYLCYSVLA FIAASSFRRA FFSKFKLVKV SCLWAAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAPGLSC GFVQNPFILE KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRRPL RLPMATCYSA60  
DQRTSPGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

QVAMGSLSGL RLAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCTKPQES PGAPSRTYNR 60  
VPLHKPTDWQ KKILIWSGRF KKEDEIPETV SLEMLDAAKN KMRVKISYLM IALTUVGCIF120  
MVIEGKKAQ RHETLTSLNL EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

# DE 198 18 620 A 1

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:	
	20
GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPFFLSK NWP	53
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:	
	25
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:	
	45
LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN	52
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:	
	50
(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
:	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KKKPRFLVLL NSSLGPGVSC FKTKLKWLTQ KLLHLRMNNH Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

ADPAFSTDLF QGCTDMAAAF RKAASRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60  
YYKMTRVKLQ GGVHIIKETK EEVTPEQLKL MRTSGRQIYR KRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQTWRRLF GRRLSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS60  
TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:	
LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHEVVEFI WIFFKSLLPK SFEVLFETV VTASLSVFPL60	15
PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR	87
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:	
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:	
EANNYMSCQG GSRFHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60	40
EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI	95
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:	
(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:	
	65

# DE 198 18 620 A 1

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLLTLLI SMMFSKMKLD KVDHQLHRVF CKSIIVSKWPR60  
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGKQK ICIFLKSGLH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIIIEIKV SNPTPGYQVK 60  
TASLLLGQNC GLLAEIFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFPFK120  
SMERMLVENI LKI 133

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- 35 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQRQGKTT QKQELKTSR HQGQLNEDKL KGKLRSLNQ LYTCTQKYSP WGMKKVLLM 60  
EDQKNSYEQK AKESLQKVLE EKMNAEQQLQ STQSLALAE QKCEEWSQY EALKEDWRTL120  
55 GTQHRELESQ LHVLSKLG SR 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 60 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 65 (D) TOPOLOGIE: linear



# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60  
LHSFSPPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SCRPWVPHLO RSLSPKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60  
LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL 97

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

65

# DE 198 18 620 A 1

FLLQPSAFHL YEPPLDYTMT WRMGPRFTML LAMWLVCSE PHPHATIRGS HCGRKVPVHS 60  
 PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEEPNLQ PLQRRREVPV LALARPTEPP ARSDINGAAV120  
 RPEQRPAARG SPREMIRDEG SSARSRLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRVW VISAPHASEG180  
 5 YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVR ITSEGQILEQ PLDPSLIPKL240  
 MSFLKLEK GK FGMVLLKKT L QVEERYYPV RLEAMYEV ID QGPIRRIEKI RQKGFVQCK300  
 ASGVEGQVVA EGNDGGGAG RPSLGSEKK EDPRAQVPP TRESRVKVL KLAATAPALP360  
 QPPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRVTV ARPMTTTAF TTQRPWTPSP SHRPPTTTEV420  
 ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPQTTR PSKATSLEST TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480  
 10 FRDNRMDRRE HGHRDPNVVP GPPKPAKEKP PKKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540  
 ELQVGNVPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKK KMKNENADKL LKSEKQMKKS EKKSQKEKEK600  
 SKKKKGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKKS ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMVYQQR660  
 DEYLESECKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFQLDNEK PMRVVDEDL VDQRLISELR720  
 KEYGMTYND FVLTVDVLR VKQYVEPIT MKSVFDLIDT FQSRKDMEN QKRGVFFEGG780  
 15 KTP 783

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 KMOVGVVFL RWERMENLF QNGFAAEVR MCSCIDLQTP RRWHTACLG VPRDSRPPTY60  
 LSEARAAGHG PSAKPVCDAL GALVQEA 87

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SFSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVRRPSHRW SWPPPALSSL60  
 PDHREPICPS ENLSQGELKE TQQTSTFIY IMLANRT 97

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60  
AANFPWKRF SHILSHLKKT HPTTIF 87

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLL ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60  
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDFHT SSPTSCKPTH PQFFFKAPR 119

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60  
SLEKIFTHPL PPQKNPHTN HFLKPHG 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHFWLSQ QLGWHLLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFBPK60  
GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60  
PTLSNTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

# DE 198 18 620 A 1

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:	
HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY	57
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:	
(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:	
SAGIPKLAPK IPLPESDLLK CYLISGAFPD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM	57
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:	
(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLTIVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLLIY GG

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAFLVP HSELIDSDYI HF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:	
VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYP ISLLLNIFYT YL	52 15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:	
(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:	
TGTECFEICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP 59	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:	
(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:	
LSLCPCWPGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR	38 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPGQHGHK LNYLNLKLF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



# DE 198 18 620 A 1

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAELGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60  
TKPADMVEIA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120  
VPNLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180  
INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGNPD FQLLLSLPEE TVVKS 225

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

### (iii) HYPOTHETISCH: ja

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRPGGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60  
QTCRHGDRGL WTWAAHEWRE LRSGTARKSI KSQNSVEVS 99

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

### (iii) HYPOTHETISCH: ja

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCPCLPMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60  
CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

TSTGPSSPLV ASAATELA AF AAFSSACMR PEGSASLFWN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60  
MRILQASFSG LSSKG 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQGRG TFRAHTCRAG GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60  
SAGLALYLHT RTAASRGTS G SPVGSVAPQQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSGRIH AELKAAAKAA60  
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFAADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60  
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120  
WNSEEIQQOI WIPSVFIFER SSEYLRALEFV YEKGARVLLV PDNTFPLGYY LIPFTGIVGL180  
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240  
RVLPCAHAHAYH SRCVDPWLTQ TRKTCPICKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300  
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

55

QVTNMSDKSE LKAELEKQ RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQESDLEKK 60  
RREAALLQS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120  
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVAPK PPIEPPEEKT LKKDEENDSK180  
APPHELTEEE KQQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240  
AKLSLNROFF DERWSKHRVV SCLDWSSQYP ELLVASYN NN EDAPHEPDGV ALVWNM KYKK300  
TPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVG GT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAAH TH360  
PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICSWSL DMLSH PQDSM ELVHKQSKAV AVTSM SFPVG420

65

# DE 198 18 620 A 1

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGPITGI HCHAAVGAVD FSHLFVTSSE480  
DWTVKLWTTK NNNPLYSFED NADYVYDVMW SPTHPLAFAC VEGMGRDLW NLNNDTEVPT54C  
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L

41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCSE VNYGCHVLQN PYCPFELCPS SKIRSYDSIV QHGIIMKSLS SSIFP

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

# DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:	
KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN	50
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:	10
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	15
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	20
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	25
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:	
CTFNIESFIY LIVYRTFHHY THLLHNILTS IFKFFCTSSF SFNLVKPVIH TNVYCELSSEG60	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:	35
(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	40
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	45
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	50
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:	
EESFVFLIHS FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60	
EKGITLS	67
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:	60
(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren	
	65

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

LYHIIRKHSV DQHKVHKNF FFLGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFFLVF VIFFLN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IHWSWPSYRL GPRSHRPGIQ TQRGQSIKVA VGSSNHCIFYS RSLKIIIVYL LSITLGK 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP

54

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTTPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT

45

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

45

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPM LGG QLFSMVLIRR SFFILSEKEI KVEIEYGWHV VPV

43

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMMQEM CYGGQKFPRG PVFLRNGIYL NNI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTTCHPYST STFISLNDKM KKLLLISTIE KSCPPNMGTS FKYYLNKFHF LKIQDLLGTF60  
DPRNTPASY PKCF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAAS RFPQPDITGQ DFSASAQRGG LVAHSDLDER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60  
KSDSLSHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTTG120



# DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LRLMMDPLTC190  
 LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV AMNRLFWGSI PKSKTKEQIL240  
 EEFSKVTEGL TDVILYHQP DKKKNRGFCF LEYEDHKTA QARRRLIEW 289

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKV GGIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPY NPSEAKPSQT APSPSPYPP NL

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

QQHHLPQSLG FLNKKEIVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60  
SLLSFPIRMD TFCSACHFCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

HAEQNVSILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60  
SFLLRNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

# DE 198 18 620 A 1

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:	
GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKKWVS GGRPVGFAGF YCYLGAHSKC60	20
SGVWDSPKGF FRHLTNS	77
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:	25
(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	30
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:	
RSRFHMMTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA	46
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:	50
(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	55
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSDAHAQ GASTIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60  
ERDQF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKPGDG LTCYASSNDI FFFFSVGER RETLKHAPPI60  
FVGRDN 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLP R NTSLRECKKY YWRWKSRTA MGRPRPGD 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

RAETRSQGQL NEDKLGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTG DGRAEK QLWAEGQGV160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFPPA SDLL

44

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

65

# DE 198 18 620 A 1

EIMNGLVLDN IWPBKLLTSV LGESHEVNHT SEIYMLNGE QRPSCCKRCI KYLCFCMRLCO  
RSFSLSPLE PIRISREAKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPLPVSCT KPSLSFRY IVRQRRALR 60  
RRAFEALSTL PASVKMLHY SPEKRARFHS RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKNM TNTGSHTYTY IQRNLTCTH TGRYRHTVPP 60  
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQLTYP FPAAQSLHS HLFDTSSGRA EGHYAAEHSR120  
LSAHCQPA 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		5
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:		
FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL	46	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:		
(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren		20
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		30
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:		
YLSLCPWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFKEKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL	55	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:		
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren		45
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		55
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:		
RGPGHLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHREWPLIP NSFPHNSVFL60		65
VSMKCLESHR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI	95	

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RPGVPEPLLR RLPDSETQKR VQGWGEMWSE GRFAFEKGSS RTHWDIVTHL NHLLIERCWP60  
PNNGRSGPGP RA 72

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GPSPYARGPG PDLPLLGGQH LSIRRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSLH ISPHPWTRFC60  
VSESGNLLKR GGSTPGL 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



# DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

EANTFLSEDG SNVLQCPSVF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVLSQAT FSKEGVPLPA60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

PTTTLVIFLF FLSSRRKKQK DSFQTALCSL HCSFPPQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60  
TLLSESKYRK QVLPLADKNH TSFL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQTECAP PGPANCFNFF FFFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDFRGFAGPA MFSRGFQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDL 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPPD S WQDSAGRPGT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60  
GPQNPGNL 68

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRCVQSL 60  
INLDGKLHQH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRR120  
INLGPVMLIS EGTSSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60  
AGDRVTPAVV AYSENEEIVG LAAQSRIRN ISNTVMKVQ ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120  
LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEDVARL IFSKMKETAH SVLGSDANDV VITVPFDGE180  
KQKNALGEAA RAAGFNVLR L IHEPSAALLA YGVGQDSP 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWTLTSMQ KRMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60  
YKRAEERRIV PMGESMKTYA EVDRQVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDS QLVIEAYKSG120  
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPDCLKFGG KSKGKLWPF I KKNKLMSLLT180  
GGPFSF 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

# DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5

ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPLHFLK ACVQCSPKSI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

10

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

30

DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60  
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

35

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

55

TISFFKSKRG LKQEGTGTS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSGL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

60

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LPTAFLLSSV FWIFMTWFIL FFPDLAGAPF YFSFIQSIVA FLYFFYKTWA TDPGFTKASE 60  
EEKKVNIITL AETGSLDFRT FCTSCIRKP LRSLHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120  
NHHYIIFFLF FLSMVCWII YGSFIYLSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180  
ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLRLKTPY NLGFMQNLAD240  
FFQCGCFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHPARE KVLRSV 276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQPSST PNHPQDRWVQ KNAPWFY

37

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

50

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTSDI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRPFKRIKET 60  
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120  
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEFGQCFPS PWAWSLHSGK60  
QTSGBPFPKSQ ECLAAWVLI AMF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

NSKLVDCRME TWLLRHVVSF SLCVSCWGVV MIVSALTHCT RWQDOTALHK MAAPLQLPPQ60  
PPSLHPRHFG LWFLSSVTYC LRS 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

CLHNREPDIF RILSSSYGYI LRPRSYLQTK WPWSLQNIAM STHQAAARHSW DLGKGPLVCF60  
PLCSDQAQGL GKHWPSPFS EHREAATARE 90



## DE 198 18 620 A 1

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLNI SLQRDGAFFE PGAGPVSSKA LDVFLVTRRR GCQMLKPSG LVWPRAAGQG 60  
RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60  
IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPOLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLI120  
QELSKVPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GQTMRTGLR GVSRAQSHLS RKVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVILPPDAS60  
ILSHVFRKYF RKFLNQAFK FLHGVDLAFN LLIFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRM VRGPPFISLF60  
SIRWQSTGHP WWVSGPRMP TLPFESR 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSLTMLQT WLLDSKLLSS NVLLPHFHFL HICLLLYWFL60  
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RMSVVEASFV CLGTTGRCC H WSCRLEFNSP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60  
LPVQHPPMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL 87

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSSIEGEWN GVMYAKYATG ENTVFVDTKK 60  
LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120  
IQWETRLFHE DGEWCWYDEP LLKRLGAAKH 150

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KFYRHPTLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SFTGTHPCSF VYILAYGCFP FTTVECSHHT RDGLACKPLP IYYLACHRKS YRPRSKTKTK60  
PFVKTLKRAK NLPTV

75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMVW PANPYLFTTL PVTEKVIDLG LKLKQNPLLR P

41

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60  
QTDIQTNDL TKEMYEGKEN VSFELQRFDS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSN120  
IDGTVKQETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180  
RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSVFHP DLQLMNPKEI STKFRYSVF 49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KEINNYTRKE KNFKYLQPST PITPQILGPK KFH

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KFSSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYNPL PLSPPKYWAQ KNST

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIRRSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASYRK KQGTSKVFGR RVLKKIQ

57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

# DE 198 18 620 A 1

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:	
GTLEFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TPDP	20
	44
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:	
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:	
NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFFRTPL RYLVEFYGSHW LRSLCSRCRD LPAFRKPAAI 60	45
SVHPWKRSVQ NAGS	74
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:	
(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

GAGEPLNQPE TRWSHVQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

STGNTCQFSC TTGYQGAEST SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

APATPASSVA PQATRCLKGP VLVYLCTSTP GQLLHVGPFG LRLVQWLPST

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQRRGGLQ ARRSTLLKTC 60  
ARARATAPGA MKMVAPWTRF YNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120  
DQYNFSSSEL GGDFEFMDDA NMCIAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180  
TLP 183

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

CQHVVHCHCDF SSHDPMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60  
QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCVWNC YRYINGRNSS120  
DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNGAAKEP PPPYVSA 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GKGIQDMRGF CPMGSPALQH TGSPSASIGL GKGQLCLCAV V

41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS

29

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMLALG LPVCCRAGDP MGQGPLMSWI PF

32

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		5
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:		10
KGKIQGMRGP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V	41	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:		15
(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		20
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		25
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		30
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:		35
HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF	25	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:		40
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		45
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		50
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		55
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:		60
TNASTGTTFL LNSRGPHGTG SPHPLDPLS	29	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:		65

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

ATKTVPRQRW SPPHCPRPNP SLNLLRCGWG NRGKTEAPDA FSLLCSSAID CPDVQRETHT60  
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

GVDGETEAKL RHLMHSAACCA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEV60  
KPCGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

LEILGIFSRV SKLSSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGTP GCLHISQNYF RTIVPKSRVF 60  
TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

10

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

35

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

QVDTLISTRK GLKLQNCQSL DSQTNDFTV TPGID 35

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLTKT LSSSTFP

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

IMDATFYKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLN MELS

34

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPFPK WALLPVTHMT LFGCGCLLNS LEWTSFTKPK PAR

43

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSVKVPASPR PGGTSLGPEV AAKELSFSPR NGRRGQLPRP PGSALTLLLEFF SSPASRGPAS 60  
LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRLE120  
GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180  
KTVKGPDLT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

55

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TMLVAITVLI YPNFIQEYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLPVW ALLFFCLLAL ILTFKG

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

LCPEQCWLQS LCLFIQTSFR NTYKLLLIIF PTEMMSQ

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

HDIISVGKIR SSLPYVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSQRS ANRRMADPAA RC

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein



# DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	5
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:	
RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMOPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60	
IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120	20
RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTPPEDYRL180	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:	
(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:	
VIGYPSRINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60	45
FLQPQGSMTN SACHKEGW 78	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:	
(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
:	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVVEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQF 60  
LYQASLLSFP LRMGQVCSGG HSVRFSSRGFG RGFKGKYSYG RMGSGVKVGD KGGRAKGGVE120  
GWGPYLDGRM PGGQGGK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

LVYPKQGTKE PGKRSQHVCR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60  
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:	
NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNILEFK CFKIQSIVFK 60	15
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLSKHL L SGA 103	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:	
(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:	
FIYKQSKVRD IFAVTLAILS LQSPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLVCK VNKKSSIIKE60	40
LCFYQRLPS EFLHKLMPSL QL 82	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:	
(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:	65

LMCLNLLRRT FYSATDFRDE FALDR

25

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVFNFWGNK VNKEGNAGME VIGHYM

26

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HVVPYNFHAC ISFLIHLVSP EVKHYFLIPW LVFYLSSANS SLKSVAE

47

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 55 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:	
QQHHL PQSLG FLNKKEVFL TWLLRLKLA LPLKYDISFA VLNKLKLVASS VPHFQFLYQA60	
SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ	95
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:	10
(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	15
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	20
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	25
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:	
LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCVQVRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE	56
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:	35
(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	40
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	45
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	50
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:	
HAEQHMSILM GKLRLRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60	
SFLLRNPNP	69
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:	60
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren	
	65

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

YILEISPLKP SLAPTSCGLM PQGFPPHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DEGLANCVGY60  
VSVVLIRDVH DCQSAFLTSV TTLRCNSSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

PTQFARPKSS RAIPGVGVWD GVDNEGILGL QKWGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60  
PWALSPCCSQ HGPHTSSLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDCRL120  
LSAGMRHPWG RCG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

# DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LKQSHSHNQHN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60  
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPL LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

SGVITAEMVW PAKSYLFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

KFQCPLIVLS AHSLAHLEFY CLWLLFFYKG RVESSQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

FYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPRSKNKTTF60  
FVKTLKRDKK LPTV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

VYSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFNF CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60  
ISRKPMECSN EEVVNQGSQSD GSMGKF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:



# DE 198 18 620 A 1

GAELVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKGSRM DQWVNFRWRQ GGAYIHSNPD60  
VIWSGQGWK 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

5

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

25

LTSSFEHSI GFLEIKVLFS LLCLGNFEK LVLPLTVLGL CLCLQKLKWL THKLSSAAE 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

50

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNEK PKDKNQRQMG SVTGLSSIL NPICYGLTK60  
CQGGD 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIQSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

LKTLRPLLIS GRIPVISLIR YISE

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

# DE 198 18 620 A 1

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:	
LILSYSEGKK NYSEIYLRL ITGILPDISN GLRVFN	36
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:	
(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:	
GFLIKYKLN Y LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS	30
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:	
(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
	65

# DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLETGFDF LSYLFAFCAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSLWVFC FYVYKNGFCV60  
PFPCYQLIW KLTIIIM 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLLFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NEGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPTSSLT60  
HPH 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLEN NMNETKDEPD YLVTHRRRTS SSGNQILFQA WHIKGKKGSE RRVRYHLKP60  
QKIWQKTASK SIR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

# DE 198 18 620 A 1

(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		10
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		15
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:		
SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNITQNPLLR PSQDIRSFQL	50	20
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:		
(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren		25
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		35
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		40
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:		
VLSAHS LAHL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKI	50	45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:		
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		50
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		55
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		60
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPGSKHHTKS60  
FVKTLPRHKK LPTA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLLC 60  
LYQPWQGSRI HLVGSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPPQARA EFGTSGHELE120  
GNSVSYELGP WP 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGLMS HPFLPHSYSL TLMKARDAG PKGKNVLSVF60  
SGFYSLVSLH 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60  
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVGSGPSQ YHWGSNKFE PQSLGPGSQL IADGVPFKLV120  
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

20

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40

HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VLQLTSPKWN60  
CCLRILFLC 69

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

PCITTTTTKI QNNSIITRLL CVTPFWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCERYF N

51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

LPPQPRRTI PLSQDSFVLP LSGHTEPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T

51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

FANWEFMGTE QLQPQLPSPK VWSCRGCROG PTKFNQVSRM QTPAPVSRV GLAVSLTPPP 60  
 SGQSGPSVMG KAAACPATPA SAPSQGLSFG GPVSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPGCGRS120  
 LPFSSSSSSS VSNDAPDGP RGLGCFGGVV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLGRASAF180  
 LKRVDGDPV VAPAFFAVAG HLHQAVLPG VRVRVRDQET MQVSGLGAL GLGRLSQELR240  
 QALHARHPHD VDVVVTAEGL DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVVH IHQLGRLVHP300  
 HCEAILALSG HQKLLHRGGH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA ITHSGCGST AVPREKLQNP360  
 SQRAQNLPTL LERSKTFGK QRNPSRKGGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren



# DE 198 18 620 A 1

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60  
ARQGWWGCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGWS SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120  
PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

25

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRWGL 60  
LGGAGCWWE GHRWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

50

(A) LÄNGE: 472 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

SESLTHPGEE PGGPPPGGAP TMTPLVAGP AALRFAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60  
 SLRAVAPGLV RYRHHRLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120  
 TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQELEQY GEPFLAAMEK LLFEYLCQLE180  
 KALPTPQAQQ LQDVLSWMP GVSITSSLAW RQYGVDMGWL LPECSVTDSV NLAEPMEQNP240  
 PQOQRLALHN PLPKAKPGTH LPQGPSSRTH PEPLAGRHFN LAPLGRRRVQ SQWASTRGGH300  
 KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360  
 LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDPLRLSL PPRARKPVCP PSLCSSVITI GDLVLDSDDEE420  
 ENGQEGEKES LENYQKTKFD TLIPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSSR PL 472

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFCSF FGGEVFQNH 60  
 EPGVYVCAKC GYELFSSRSK YAHSSPWPAF TETIHADSV KRPENRSEA LKVSCGKCGN120  
 GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

SYGATAAFLS RSEASYFRD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQTI PTLAGLEGFD 60  
 QSGSCSDQGG GGWQGRPPFP FCLLSSLDGV GLSFGEDSL SWNWASQGRV QRQGQEKVVR120  
 V 121

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60  
RPGFQLQGGM ANVWPQCGGR LGWVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120  
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180  
LGTHVNAREK VILENLAPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240  
NRSPEGESR 249

25

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLPSL 60  
IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120  
YTLWIPLYPL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSFTLPYPV KIKVRFSFFL QIYLIMIFLG180  
LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKIH 204

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

60

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

RISGCSPRSS CCFQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCRR 60  
WKAALFYVCA QPYSLEVCLA YSNISLSKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120  
CLCVCGLVWF ETGSCVTTPG CSAVAQSRLT AALTS 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60  
IPINNIIIVGG 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSHPH TCSPISKMKN SLPKCIQPPT MLLIGIWIN 60  
FTKKPMNPPII ANPIAVAMAI FWNFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

10

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30

DEKLSSKMY S ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASENQPN 60  
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

55

GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCCLASE NLTLSPFSPVN 60  
GHRCVAQGSE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RWSKIALTP NPNAVQDLGA TQPVVIWCWF PFFVCLLVSK 60  
IALLGTAWKV QAFLARSL ASSPCLHSVP KEDFCSTLWS 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60  
LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKE T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

WWRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEY PEVLGSILGA 60	
LKAIIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPILKN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120	5
RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180	
AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLFLFE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240	
LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFCEG SLNHLLNYVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300	
LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYV KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYNDDKNHLI360	
IRLMNLGL	368 10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren	15
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

YPFFTLQORN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLIVYIMFN ICQSILQVCS 60	35
FISIKYGYV AQLLKWYICV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120	
I	121

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

FFFFFFFFF HSNVYFFFFF FFFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LPPIYILLEY 60	
YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114	

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

# DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDTFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60  
RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNGLC DPYIKITLGK120  
KVIEDRDHYI PNTLNPVFCR MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180  
FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240  
YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLQMWV300  
DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420  
IQIWDNDKFS LDDYLGFLLE DLRHTIIPAK SPEKCRLDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLENRPET540  
SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLEL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

IRRDKAYLTF KWRDDENPLI QSFRTKRQSS DKSMTWMKCP TGALDIFNFC DYVKEVDFTD60  
NGAEANISKR NPNFFP 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGSG EGKELFEQMC60  
VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF 90

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

20

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40

TRSLLYFHHMF LILWEEVGIP FTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

45

(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

65

IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLNSFVIVEH RG

42

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

ATCSDNRSKI FQLENLECYV LLEPAICMYR INNIFYSEFGQV ILRQSQWQK

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

PKGVVVNPGA LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSHLLIR HSLSSHSL

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

# DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60  
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWDGIWT KNYKKVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFFTV 60  
TLWRLFDLVV SCFLKITGIW RPKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFDPYIV120  
LS 122

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

40

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKCYWIKAI 60  
YTLAKSKAKE IALDPESQDD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFLLQ DLAVTQDGVQ120  
WHDH 124

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVDLLITRR LCEKIYVYIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVFVTF60  
SNYHCNDNLS HVYTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKGTFHFN KVNDFKNLTF FRRKKKTSYE PSLVNHLVYK60  
IFPLFKKCFC KILRSHEIMP WS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSL KEKTILSSIM IYHCAINQKN60  
QVRNTIKTTL KGKNF 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FELTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60  
MVIRATYVNA CL 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSVAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMFLHSL60  
YFRLKIDSFL VLTTLLEGTV VPGKRSRFTV PNH 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHL5 AKIKPKQQKV ELEMAIDTLN60  
PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCSS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRPRPRSAQS APLCCGNSWG SGCRWPSQAL PSAAWA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

# DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLGLDLG 59

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLKLPQLLA GSPAHASLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
TLSCPLVELG GSSGGRLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHFKTEEAAL CPAPGSH 157

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60  
QQTQLQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRAVLTQK120  
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GYLLYSQVL180  
FQDVTFMGQ VVSREGQGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAVNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240  
RARAKNLSP HGTFLGFVKL 260

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60  
 FRDLSPLSQA SRASELCSSG LCQGYSPFW EGPPVPCSL TSLRLCSSV CWVSRAMAQA120  
 TAPRAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFEWGSKEV180  
 AGRVRVRVAV QKGRRLLRKE K 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

GRRSRMEIPV PVQPSWLRRA SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLEAELAAL CPTTLAPYYL 60  
 RAPSVALPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFS EEIAVKVGE HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120  
 EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASAQAPP PAAAK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

TALAQPPASQ AQSPPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSVAVKPO 60  
PATPDSGTLE RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGGLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60  
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVG GLCLTGLGLG QGCLHNNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

# DE 198 18 620 A 1

RTEEEKKKKE KNQPPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSF PTV

53

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VSMSIQLRLF EKNNHAFLNP N

51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

- (A) LÄNGE: 15 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60  
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMKGCLCR GAELSLCFSE FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE120  
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLESEWAV 150

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFPLG GVRRVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60  
RRNRERAQRL DTDTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSKTKPKP KQNPKGKDLG120  
QWNEEEGRRG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60  
TWGNGMRKRG GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVEG GRLPIHPVEI120  
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

# DE 198 18 620 A 1

TLTAHEGRGG KCTEEDASQ QEGCTLGSDP ICLSESQVSE EQEEMGGQSS AAQATASVNA 60  
EEIKVARIHE CQWVEDAPN PDVLLSHKDD VKEGEGGQES FEELPSEL 108

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60  
GLEHPPPPPTD THEYGLP 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSAEYT QNCHPTVESV FPAILFPPQT SSAPSHPKYA 60  
IVFVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNFL VTACMQPLSV120  
PL 122

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEHTYSEV KLRCLGYTM DTDFTFTCQ KDGRWFPERI 60  
SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSUNRQVS VSCAEGYTTE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120  
SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVQEN ROWSGGVAIC180  
KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHPVPLCKP240  
NPCPVFFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIKC REGFLLQGHG ITCNPDETW TQTSACEKI300  
SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGWTS PPICRAVCRF360  
PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLCCEPIC ILPCLNGGRC VAPYQDCPP GWTGSRCHTA420  
VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCS RKRTTGF 457

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

25

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

45

GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60  
RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQKQVQVQ QLQQAEPQK120  
QVQVQVQVQA HSQGPQVQL QQAEPKQV QPQVQQAHF TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180  
TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

55

(A) LÄNGE: 292 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

# DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

```
GRAGRRATMF SQQQQQQQLQQ QQQQLQQLQQ QQLQQQQQLQQ QQLLQLQQLL QQSPPQARCH 60
GVSGGPPQQP QQPLLNLQGT NSASLLNGSM RQRALLLQQL QGLDQFAMPP ATYDTAGLTM120
PTATLGNLRG YGMASPLGAA PSLTPPQLAT PNLQQFFPQA TRQSLLGPPP VGVPMPNSQF180
NLSGRNPQKQ ARTSSSTTPN RKDSSSQTMP VEDKSDPPEG SEEAAPRMD TPEDQDLPPC240
PEDIAKEKRT PAPEPEPCEA SELPAKRLRS SEEPTEKEPP GQLQVKAQPQ AG. 292
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

```
PRRLPSVAVG MVRPAVSIVA GGIANWSSPC NCKSKALCR MEPLRREAEL VPWRFRSGCC 60
GCCGGPPLTP WQRACGGDCW SSCWSCSNCC CCNCCWSCC CCNCWSCCCC CWSCCCCCW120
NMVARLPARP QRSSRPHGWA GPAAPTRPG GSGPRAPGLP AATPGPVGS 169
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

# DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAQE PRQRFEPELG 60  
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRCLCPHAE GQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120  
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNLKN KKVLIWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60  
ARARAGAOTS CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG PWPSCRGSAG PEGWGHHP 119

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAE TDLLLAEEGS GWRGPHGQOV LGLLWRPRRL SKLPAVDHLQ SSPRSLAELG 60  
IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPRLQTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120  
LAPRDSSFEP QLWLWFLPGL LGSSVLPASR LLVGHHRMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180  
STVLFCF 187

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60  
TGHPSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILFGAI IKAMQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60  
NLMGPPEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:



# DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCF'CGM YICTPNYLAL 60  
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSQ FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRCFYCPD MPLTRFWRTF NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60  
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQSR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60  
REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120  
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

KPTKHRCCQH PKKYRYLNPV IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRCLCP 60  
LPQPSHPSL RKVTYPQHSI CRQVPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

SSENPPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKTGIIQVA GLCGLQLLAQ TTVTTGYLAA 60  
YAHYHSPATP TASCKLHILN TPFVGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRDPDIK120  
SVGRRCWTTV ARSHFFILVL LGLILLDEVG HRVPLSFLFS 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 227 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQQAQTK AFEFLNHSVT 60  
MLEKESCLQQ IKIQQLLEVL SPTGRQGEKE EHKWGMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120  
SEEMQARATT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAQED EISENLVNIQ180  
KMQKTQVKCR KILTKMKQOG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60  
EALGQAPEHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120  
SWSGFCGISP AFSAFSECSP SSLRSHPPAL GASDR 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60  
LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLFKLLN LDLLQAALLL QHGH 114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

# DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TASTLRVFP RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60  
RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIAKD CKEPKREREQ120  
CCYNCGKPGH LARDCDHADE QKCYSCGEFG HIQKDCTKVK CYRCGETGHV AINCSKTSEV180  
NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

LATAVTVDFE CLAAMDGYMT SFTTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFLIC MVAVTSQMAW 60  
FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120  
ETSATASHST TTASTSRTFP GPVARSSLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180  
GSQGRGCLF 189

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

- (A) LÄNGE: 316 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLPV TMSYTGfVQG SETTlQSTYS DTSAQPTCDY 60  
 GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120  
 SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSGG ERYDSYESCD SRAVLSErDL YRSGYDYSEL180  
 DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWARDARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240  
 QCMsGASRLA LPLLPEHHFR VRHVPGACEV GAPSRAASRF GFRVWQWHEA DEGGLGRRGP300  
 QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPAAALLTGSi RMPPCFLEFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60  
 PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQCTGTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSGH PGPSVPWDR120  
 RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQGQARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHTEFLHLS180  
 RTRLLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSR RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60  
TARGQAGSSS AMAAQLGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTV KYDRRELQRR120  
LDVEKWIDGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEER SRKIQGLLKS CGKPVDFIQ180  
ELLAKLQGLH RQPLRQPSR SHDGSLSPLQ DRARTAHF 218

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLKQQAG SFSQEGCKGE NILSFLQGN HCPGVPASGR HNLSKVQGML ARKGGILDCC 60  
LLSEPSPTPQ PASWCLEFSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSMF ALNPNSQRRS ECIFHAAAG60  
CWPRFCVESQ PSEITSFLVA VTNSSWTMK LIYFPI 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

# DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFFPS FCREIIALVC QPVVGTTFQK FKGCWLEKEV FWIAASSQNP 60  
LLPHSLPPGV FFPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVEWEKG QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120  
YSGIVGPPDW HSDSQLWFEW NIRGS 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 429 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60  
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120  
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMV LNVNKALIYL180  
WHGCKAQAH KEVGRTAANK IKEQCPLAEG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240  
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDFA ATEFVYPARA PSVSSMPFL QEDLYSAPQP300  
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360  
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420  
RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVFHEGDLIG NFRVHLCDSL DVLSVLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLLGGW FLEIFSFAYL 60  
EHSIHRTLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEKCWLGRAV QIFLQEGHGT120  
15 DHRGGSGRVH KLCGCKIPRG AAEDQAGRE VKTSRILKHA IVGFVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

GIPESEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGF ASVPQVDEGL 60  
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQIIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPPEL120  
40 TLQETGGLLS LENLDLGPPF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPHRVLS180  
LLATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDHGNAGD LKLP 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:



# DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHR KYFFLSYGFW60  
FTGLRGFSEY LWPQHTQFP S 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTFLFKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60  
A 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

PPDFFFLFFR GYFYICVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSSPVYN LIEMRK 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCCSCS TALFRTQTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDVLG FLEANKIGFE 60  
EKDIAANEEN RKWMRENVPE NSRPATGYPL PPQIFNESQY RGDYDAFFEA RENNAVYAFL120  
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILLFLL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60  
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

# DE 198 18 620 A 1

FCIHFECLHV KTQLIIYFNI KPISFFAKLI LLFYKSNQDS FFRMLKZQCL RFMLAALLAL60  
LLPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHSP RDTGFH 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLNIIILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLQVFL WNMDKYTMIR KLEGHHDVV 60  
ACDFSPDGL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTFIFAGGAN DRWVRSVSFS120  
HDGLHVASLA DDKMVEFWRI DEDYPVQVAP LSNGLCFAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180  
PRQVPSLQHL CFMSIFRVMP TQEVQELPIP SKLLEFLSYR I 221

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGGATCPESF QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGKMN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60  
LENEGKTENK GKTGDEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLP LPTFTLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60  
 LPEYKLLLAFL SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHCVRVFCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120  
 AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

## Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24-127.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

# DE 198 18 620 A 1

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128-390.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann. 5
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128-390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden können. 10
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasen tumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen tumor. 15
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128-390.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 20
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 25
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

---

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

---

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

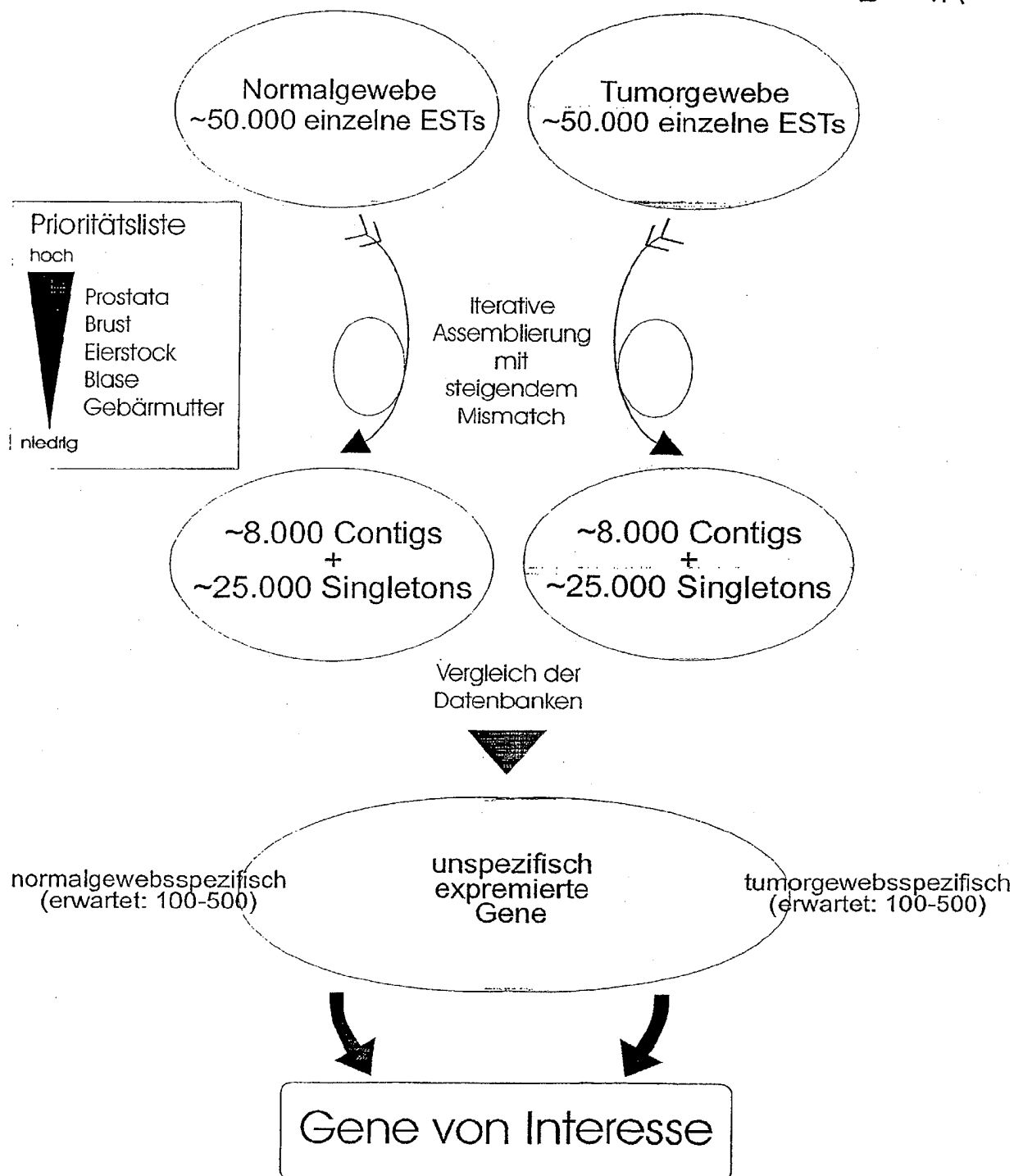


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

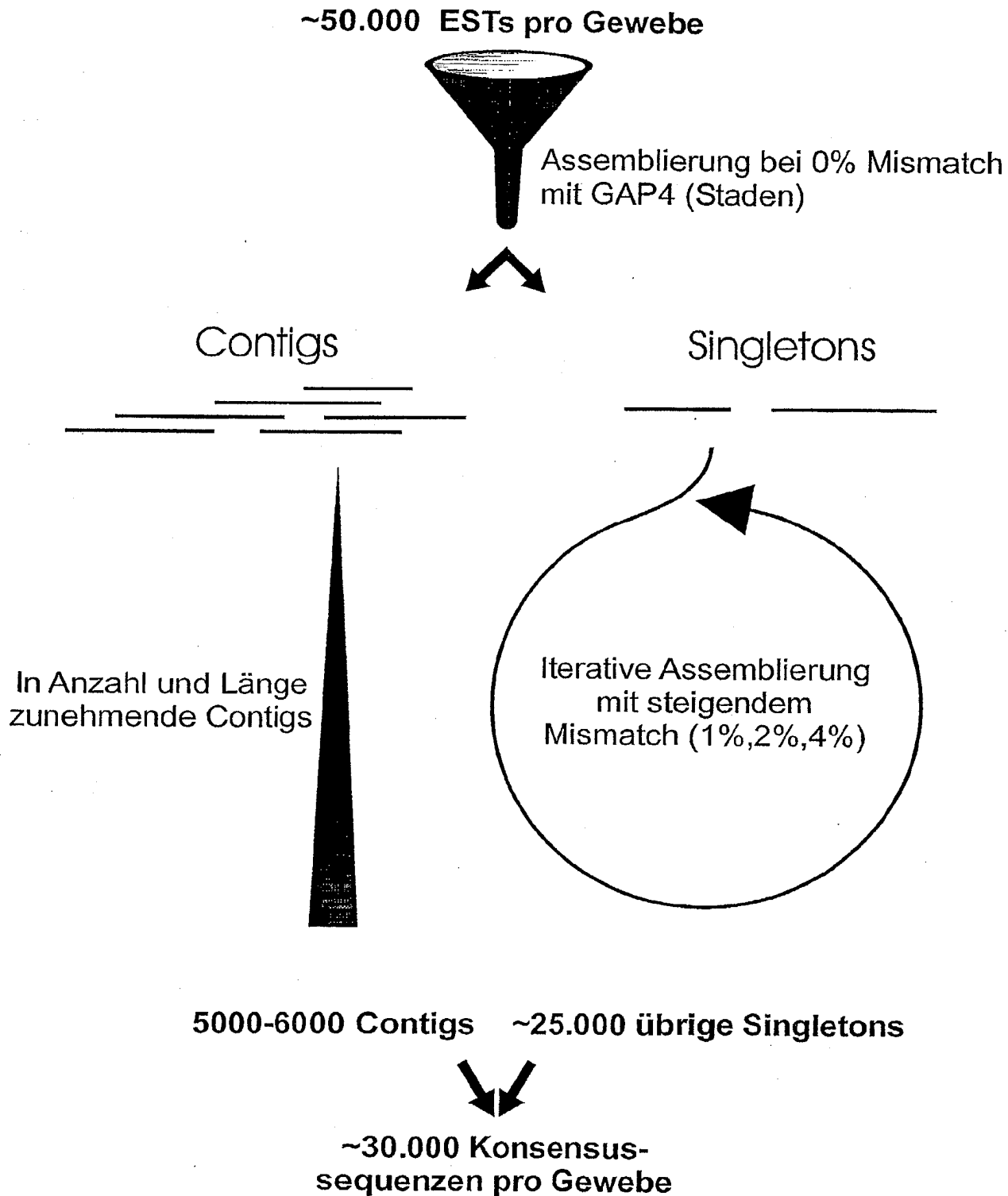


Fig. 2a



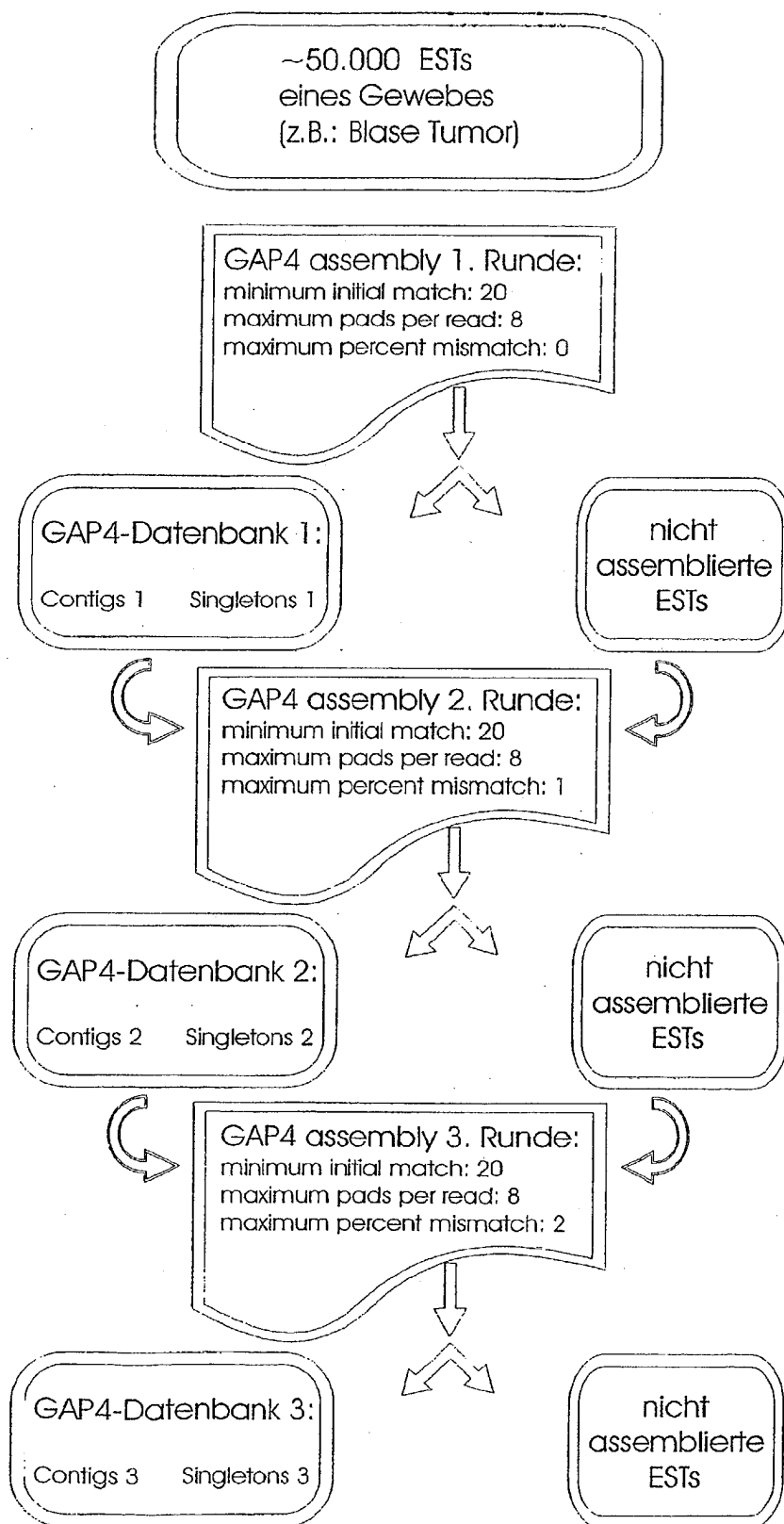


Fig. 2b1

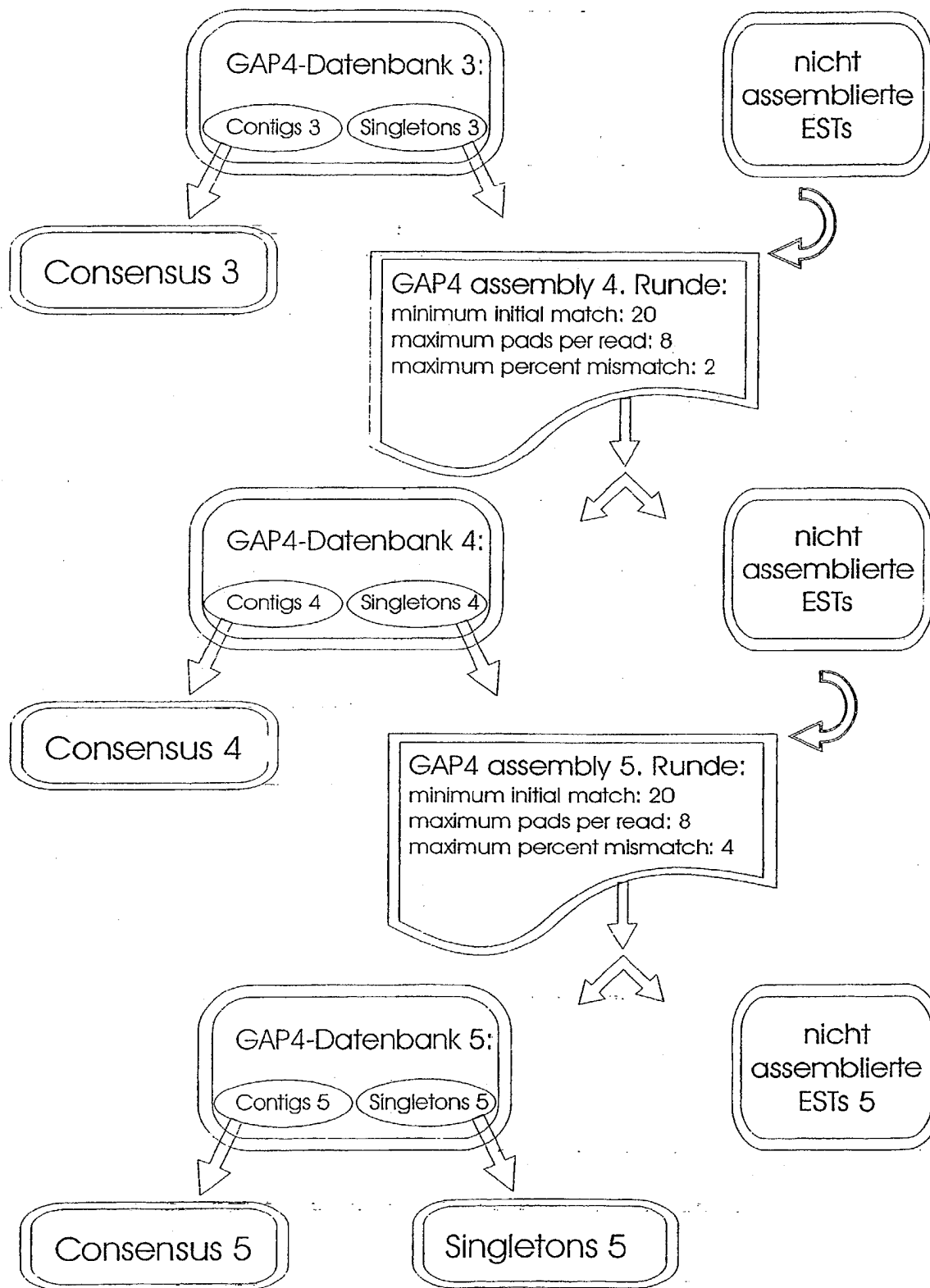


Fig. 2b2

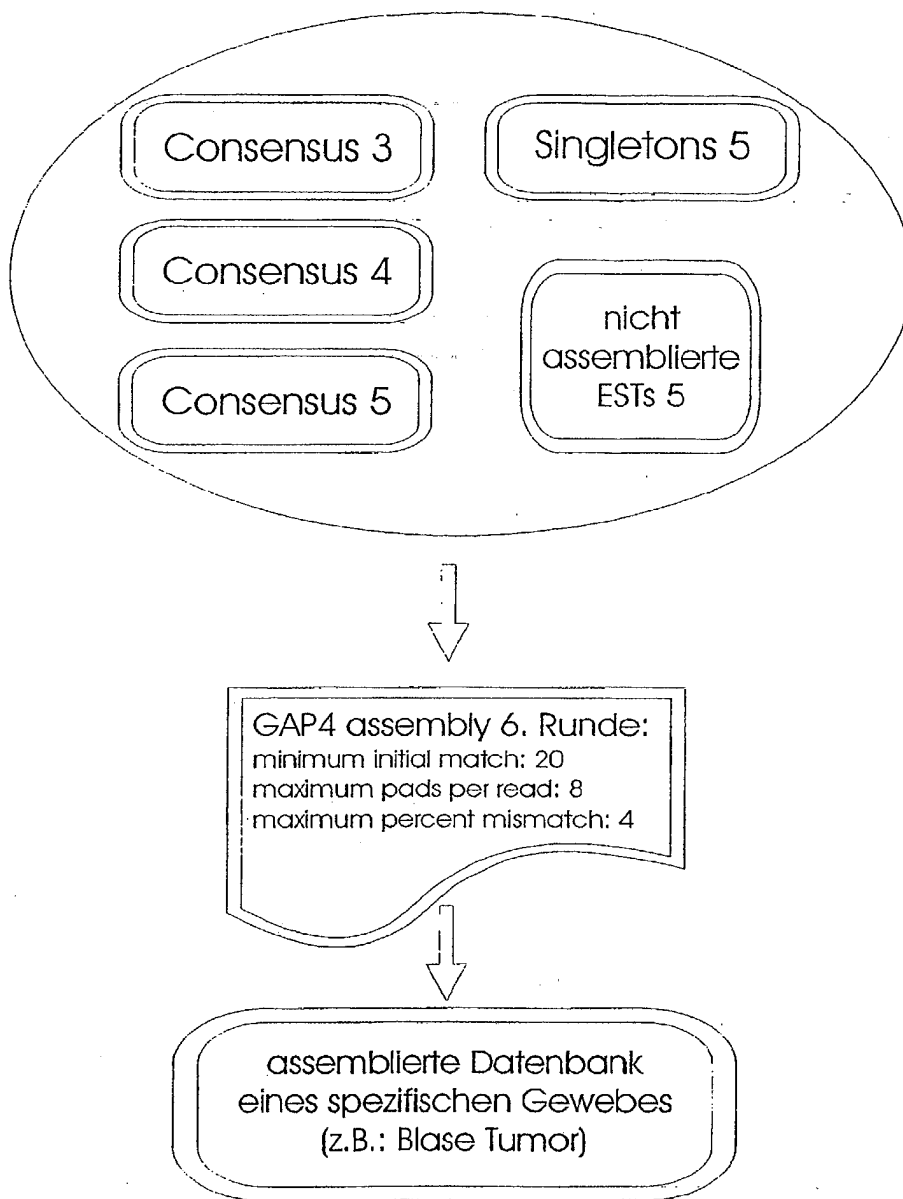


Fig. 2b3

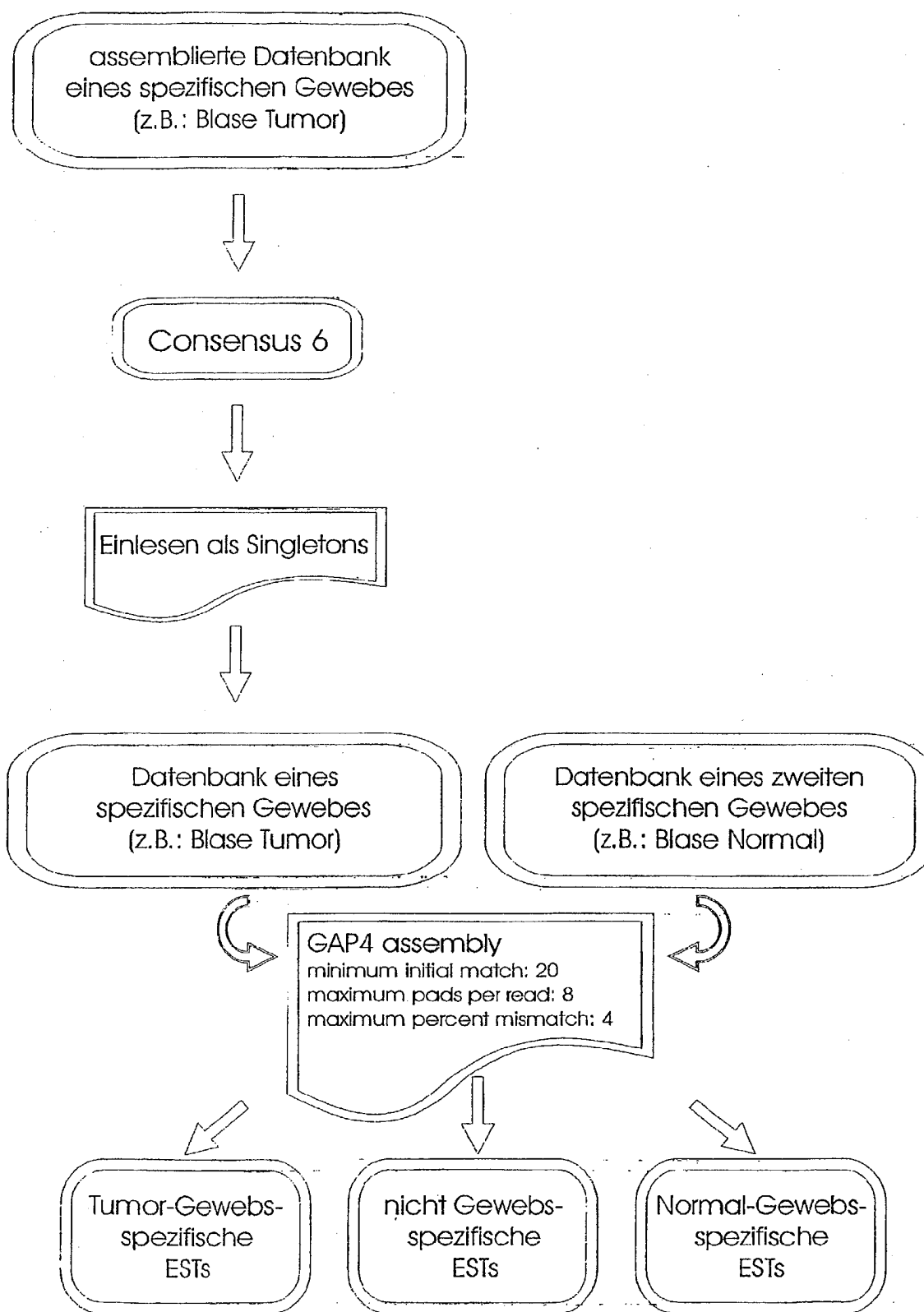


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

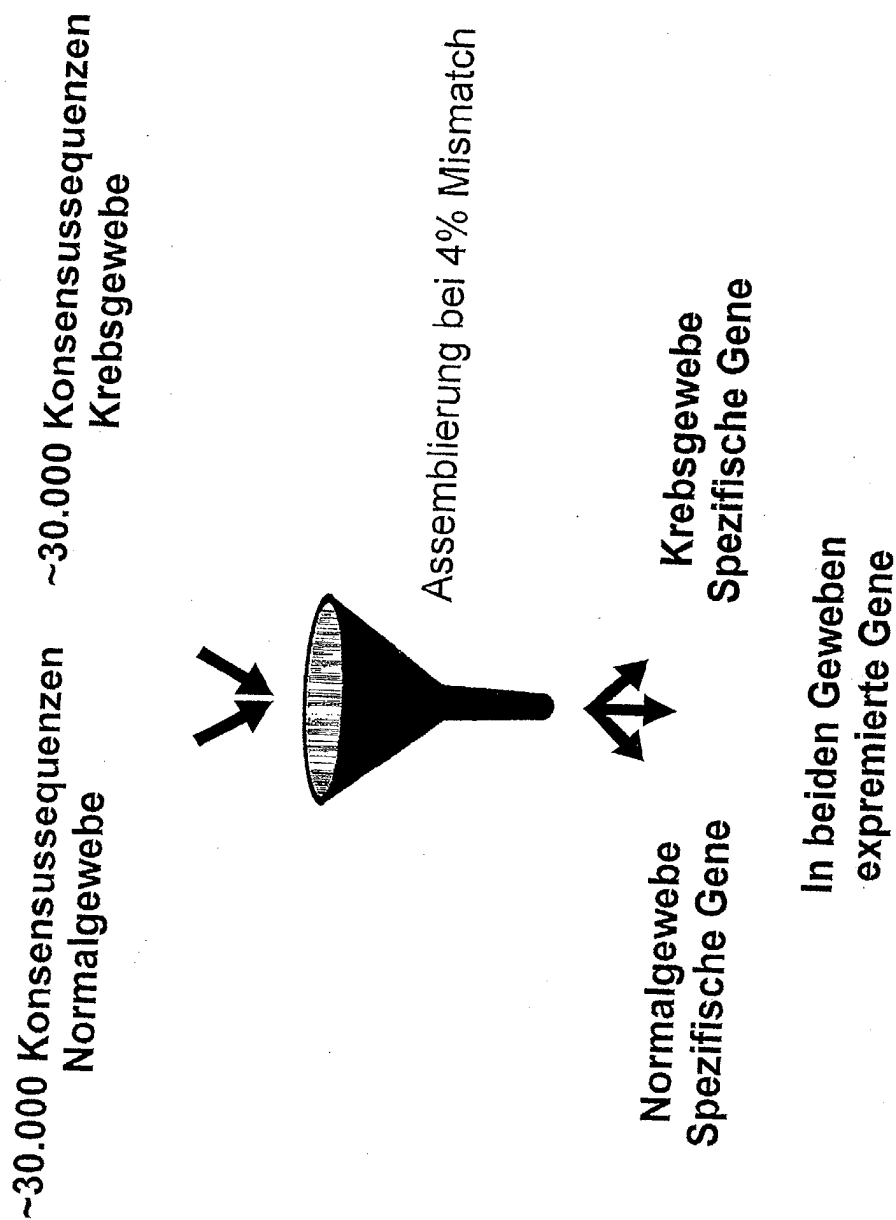
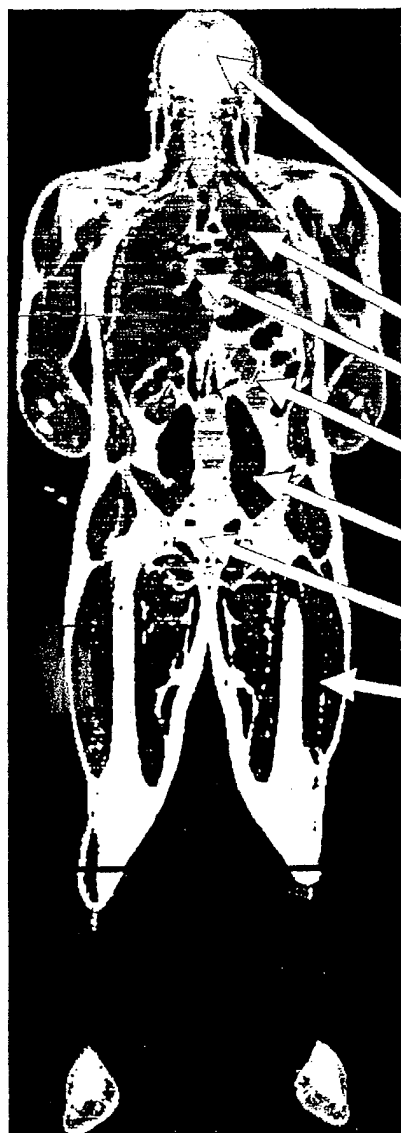


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der  
gewebsspezifischen  
Expression über  
elektronischen Northern  
( INCYTE LifeSeq und  
öffentliche EST  
Datenbanken)



Kandidatengene für  
Tumorsuppressoren oder  
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

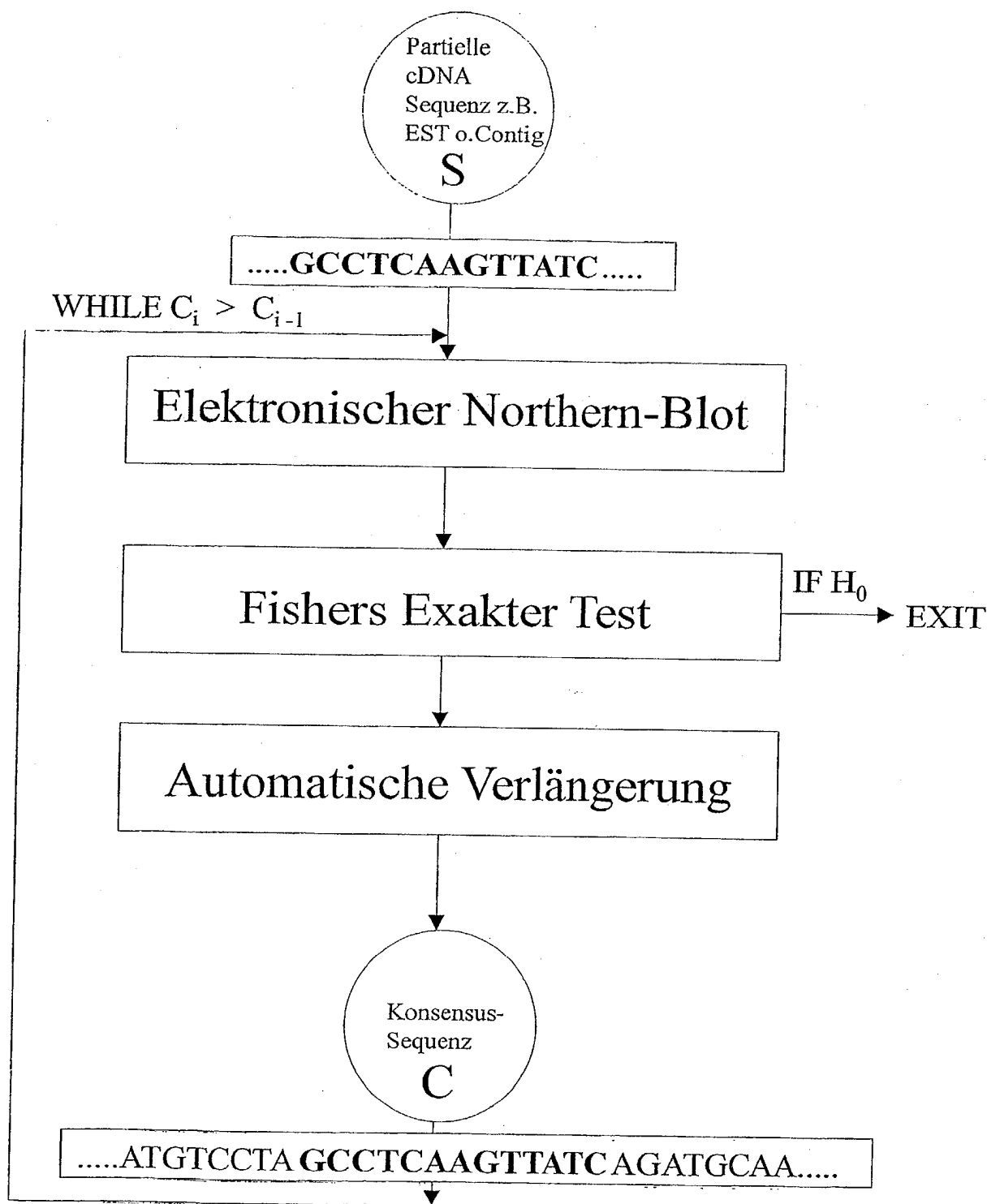


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5